

Il programma LIFE è uno strumento dell'Unione Europea che finanzia progetti aventi come scopo la conservazione degli ecosistemi, della biodiversità e la lotta al cambiamento climatico.

Il progetto LIFE SySTEMiC (Close-to-nature foreSt SusTainable Management practices under Climate Change) ha come obiettivo lo sviluppo e l'utilizzo di un modello basato sulla diversità genetica per determinare le migliori pratiche selvicolturali al fine di proteggere le nostre foreste in tempi di cambiamenti climatici. L'idea di base è semplice: maggiore è la diversità genetica degli alberi in una foresta, più è probabile che alcuni alberi abbiano caratteristiche genetiche che li rendono più adattabili ai cambiamenti climatici, aumentando la resistenza e la resilienza del sistema forestale.



Manuale per una Gestione Forestale Sostenibile

Manuale per una Gestione Forestale Sostenibile



9 788889 578872



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
FIRENZE
DAGRI
DIPARTIMENTO REGIONALE
AGENZIA REGIONALE FORESTALI



CASENTINO
UNIONE DEI COMUNI MONTANI



Zavod za gozdove Slovenije
Slovenia Forest Service



Manuale per una Gestione Forestale Sostenibile

Deliverable: Handbook for SFM per each species considered



Beneficiary's name

Department of Agriculture, Food, Environment and Forestry (DAGRI), University of Florence (UNIFI), Italy (Coordinator)
Croatian Forest Research Institute (CFRI), Croatia
D.R.E.A.M., Italy
Ente Parco Regionale Migliarino San Rossore Massaciuccoli (MSRM), Italy
Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia
Slovenia Forest Service (SFS), Slovenia
Unione dei Comuni Montani del Casentino (UCCAS), Italy

Contributors

DAGRI-UNIFI: Cristina Vettori (IBBR-CNR), Roberta Ferrante, Cesare Garosi, Francesco Parisi, Davide Travaglini, Donatella Paffetti
CFRI: Sanja Bogunović, Mladen Ivanković, Anđelina Gavranović Markić, Barbara Škiljan, Zvonimir Vujnović, Miran Lanščak
MSRM: Francesca Logli
SFI: Marko Bajc, Rok Damjanić, Natalija Dovč, Tine Grebenc, Tijana Martinović, Tanja Mrak, Tina Unuk Nahberger, Nataša Šibanc, Marjana Westergren, Hojka Kraigher
SFS: Andrej Breznikar, Kristina Sever

Project duration

01/09/2019 - 31/08/2024

Total cost and EU contribution

Total project budget: 2,976,245 €
LIFE Funding: 1,635,709 € (55% of total eligible budget)

Project's contact details

Coordinator and scientific responsible of the project

Donatella Paffetti - DAGRI-UNIFI
Via Maragliano, 77
50144 Firenze
Italy
donatella.paffetti@unifi.it

Project Manager

Cristina Vettori - IBBR-CNR
Via Madonna del Piano, 10
50019 Sesto Fiorentino (FI)
Italy
cristina.vettori@cnr.it

Communication Manager

Davide Travaglini - DAGRI-UNIFI
Via San Bonaventura, 13
50145 Firenze
Italy
davide.travaglini@unifi.it

Website

<https://www.lifesystemic.eu>



The LIFE SYSTEMiC - LIFE18ENV/IT/000124 project has received funding from the LIFE program of the EU.

Details on how to cite the content

The contents of book is under the Licensed Rights bound by the terms and conditions of the Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International Public License ("Public License") (for details see <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/legalcode>).

Text, photos, images, illustrations

You are allowed to use the text, photos, images, and illustration reported within the handbook for sustainable forest management, but acknowledgements to LIFE SYSTEMiC project must be provided reporting the link to website of the project in the case of presentation, and cited as Handbook for sustainable forest management, pages 128, ISBN 9788889578872



Graphical plan, pagination Arts & altro Grafica



LIFESystemic © 2020 | All Rights Reserved

Sommario

	DESCRIZIONE DEL PROGETTO LIFE SYSTEMiC	
		4
1.	INTRODUZIONE	5
2.	GESTIONE FORESTALE SOSTENIBILE PER <i>Abies alba</i> Mill.	9
2.1	Introduzione	9
2.2	Struttura forestale, legno morto e microhabitat arborei	11
2.3	<i>Landscape Genomics</i>	15
2.4	Biodiversità del suolo	19
2.5	Impatto della brucatura	20
2.6	Modello GenBioSilvi	23
2.7	Raccomandazioni per una Gestione Forestale Sostenibile	29
3.	GESTIONE FORESTALE SOSTENIBILE PER <i>Fagus sylvatica</i> L.	37
3.1	Introduzione	37
3.2	Struttura forestale, legno morto e microhabitat arborei	40
3.3	<i>Landscape Genomics</i>	47
3.4	Biodiversità del suolo	50
3.5	Modello GenBioSilvi	57
3.6	Raccomandazioni per una Gestione Forestale Sostenibile	63
4.	GESTIONE FORESTALE SOSTENIBILE PER <i>Pinus</i> spp (<i>Pinus nigra</i> J.F. Arnold, <i>Pinus pinea</i> L., <i>Pinus pinaster</i> Aiton)	69
4.1	Introduzione	69
4.2	Struttura forestale, legno morto e microhabitat arborei	73
4.3	<i>Landscape Genomics</i>	79
4.4	Modello GenBioSilvi	83
4.5	Raccomandazioni per una Gestione Forestale Sostenibile	85
5.	GESTIONE FORESTALE SOSTENIBILE PER <i>Quercus</i> spp (<i>Quercus robur</i> L., <i>Quercus pubescens</i> Willd., <i>Quercus ilex</i> L.)	91
5.1	Introduzione	91
5.2	Struttura forestale, legno morto e microhabitat arborei	98
5.3	<i>Landscape Genomics</i>	100
5.4	Oidio della quercia	104
5.5	Modello GenBioSilvi	106
5.6	Raccomandazioni per una Gestione Forestale Sostenibile	111
	BIBLIOGRAFIA	116

DESCRIZIONE DEL PROGETTO LIFE SySTEMiC

Il programma LIFE è uno strumento dell'Unione Europea che finanzia progetti aventi come scopo la conservazione degli ecosistemi, della biodiversità e la lotta al cambiamento climatico.

Il progetto LIFE SySTEMiC (*Close-to-nature foreSt SusTainable Management practices under Climate Changes*) ha come obiettivo lo sviluppo e l'utilizzo di un modello basato sulla diversità genetica per determinare le migliori pratiche selvicolturali al fine di proteggere le nostre foreste in tempi di cambiamenti climatici. L'idea di base è semplice: maggiore è la diversità genetica degli alberi in una foresta, più è probabile che alcuni alberi abbiano caratteristiche genetiche che li rendono più adattabili ai cambiamenti climatici, aumentando la resistenza e la resilienza del sistema forestale.

Sulla base di queste premesse, gli obiettivi principali del progetto sono:

- Indagare le relazioni tra gestione forestale e diversità genetica per 8 specie di alberi forestali in 3 Paesi europei (Croazia, Italia, Slovenia) al fine di identificare i sistemi selvicolturali che mantengono alti livelli di diversità genetica.
- Sviluppare un modello innovativo che comprenda Genetica, Biodiversità e Selvicoltura (*GenBioSilvi*) basato sulla combinazione di tecniche avanzate di *Landscape Genomics*, genetica applicata e modelli selvicolturali al fine di supportare una Gestione Forestale Sostenibile (*SFM - Sustainable Forest Management*).
- Diffondere la conoscenza del metodo in tutta Europa e trasferirne l'uso nella pratica forestale attraverso il coinvolgimento di *stakeholder*.

Nella pagina web del progetto LIFE SySTEMiC vengono riportati tutti i prodotti finali del progetto: <https://www.lifesystemic.eu/>



1. INTRODUZIONE

Hojka Kraigher¹, Kristina Sever², Andrej Breznikar², Davide Travaglini³

¹ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

² Slovenia Forest Service (SFS), Slovenia

³ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze (UNIFI), Italia

La Gestione Forestale Sostenibile, *close to nature* e multifunzionale

La *Gestione Forestale Sostenibile*, multifunzionale e *close to nature*, viene pianificata in modo tale da preservare le foreste e tutte le loro funzioni e servizi ecosistemici, garantendo al contempo un profitto ai proprietari forestali. Facendo riferimento ai principi della "Scuola Forestale Slovena" può essere così descritta (Kraigher et al., 2019):

- La gestione forestale è adattata alle caratteristiche del sito ed allo sviluppo naturale della foresta
- Protezione attiva delle popolazioni naturali di alberi forestali
- Protezione e conservazione della biodiversità nelle foreste (inclusa la diversità genetica)
- Sostenere la stabilità bio-ecologica ed economica delle foreste aumentando il volume di legname
- Cura di tutte le fasi di sviluppo e di tutti i tipi di foresta per sostenere alberi forestali vitali e di alta qualità, in grado di adempiere in modo ottimale a tutte le funzioni delle foreste
- Privilegia forme di gestione basate sulla rinnovazione naturale delle foreste
- Se vengono utilizzati semi o sementali, devono provenire da fonti/provenienze adeguate e possono essere utilizzate solo specie appropriate.

La selvicoltura *close to nature* utilizza metodi di gestione forestale che promuovono la conservazione della natura e delle foreste, traendo benefici tangibili e intangibili da una foresta in modo tale da preservarla come ecosistema naturale con tutte le sue diverse forme di vita e le relazioni formatesi al suo interno. Si basa su una pianificazione della gestione forestale dettagliata, adattata alle condizioni specifiche del sito e dei popolamenti, nonché alle funzioni forestali, considerando i processi naturali e le strutture specifiche degli ecosistemi forestali naturali; apprende continuamente dai processi nelle riserve forestali non gestite. I processi naturali vengono alterati il meno possibile, pur mantenendo la redditività economica e la sostenibilità sociale della gestione forestale (Forest management by Mimicking nature, 2014)

La selvicoltura *close to nature* imita il più possibile i processi e le strutture naturali. Gli ecosistemi forestali dovrebbero rinnovarsi naturalmente e imitare una composizione mista di specie arboree e strutture forestali tipiche delle foreste naturali. La gestione forestale può influenzare direttamente gli ecosistemi forestali, e attraverso la rinnovazione naturale delle foreste, si preserva l'adattabilità degli alberi alle condizioni specifiche dei siti di crescita e alle dinamiche naturali. I sistemi selvicolturali dovrebbero essere selezionati con cura per promuovere approcci *close to nature* e imitare i processi naturali all'interno degli ecosistemi forestali.

Le foreste dovrebbero essere gestite in modo da preservarne il ruolo multifunzionale (funzioni ecologiche, sociali ed economiche). Questo obiettivo può essere raggiunto solo attraverso il mantenimento di foreste sane e della loro biodiversità, la protezione della loro fertilità naturale e delle risorse idriche, così come altre funzioni benefiche delle foreste nel ciclo dell'acqua e del carbonio, un approvvigionamento sostenibile di legname e altri prodotti forestali, la generazione di profitti e posti di

lavoro, oltre a offrire mezzi di ricreazione e altri benefici sociali legati alle foreste.

L'adattamento dei singoli individui alle caratteristiche stazionali dei siti di crescita è la direzione principale dello sviluppo delle foreste *close to nature*, che è stata studiata dal progetto LIFE SySTEMiC attraverso una varietà di siti. Lo sviluppo diretto degli ecosistemi forestali adattati alle condizioni specifiche dei siti e delle strutture, e alle funzioni forestali, richiede grande flessibilità nella selezione di un sistema (metodo) di gestione forestale adeguato e una pianificazione attenta delle misure.

Le principali misure per adattare la gestione forestale ai cambiamenti climatici si concentrano sull'adattamento della composizione delle specie arboree all'interno degli ecosistemi forestali, sull'aumento della resilienza delle foreste mediante strutture diversificate a tutti i livelli, in particolare a livello genetico, attraverso misure avanzate di rinnovazione e rimboschimento, e sull'aumento della loro stabilità attraverso interventi di cura precoce (ad esempio, diradamento), la formazione di strutture forestali multistratificate e selettive in idonei popolamenti, e (non meno importante) sul monitoraggio e la conservazione della biodiversità forestale, partendo dalla diversità genetica (Bajc *et al.*, 2020).

Tabella 1.1. Regimi di gestione forestale e sistemi selvicolturali.

Intensità della gestione forestale	Sistema selvicolturale	Descrizione del sistema selvicolturale
Nessuna Gestione	Riserva Integrale	Nessun intervento, accesso consentito solo per finalità di ricerca dopo aver ottenuto l'autorizzazione dall'autorità competente, categoria di conservazione IUCN I.
Gestione a bassa intensità	Tagli successivi a gruppi	La rinnovazione si realizza all'interno di aperture e gap (dando origine a nuclei di rinnovazione), dove i giovani alberi crescono, con una distribuzione a mosaico, sotto la protezione del soprassuolo adulto. Successivamente questi nuclei si fondono e ogni soprassuolo forestale acquisisce una struttura pluristratificata (adattato da Čater M., Diaci J. 2020); può essere considerato come categoria di conservazione IUCN IV o VI.
	Taglio a scelta colturale	Alberi di dimensioni diverse sono presenti a livello di piccola superficie. La rinnovazione è continua nel tempo, e la crescita e lo sviluppo degli alberi sono differenziati a livello di singolo individuo. La copertura non è continua ma variabile, in più strati seguendo una struttura in evoluzione dallo strato inferiore a quello superiore. In popolamenti gestiti in questo modo si possono individuare tre differenti posizioni: individui sottoposti (<i>suppressed</i>), che si trovano in fase di attesa dello strato inferiore; alberi promettenti (<i>runners</i>) in cerca di affermazione nello strato intermedio; alberi affermati (<i>winner</i> o <i>carriers</i>) nello strato superiore (Čater M., Diaci J. 2020); può essere considerato come categoria di conservazione IUCN IV o VI.
Gestione a media intensità	Rimboschimento dopo disturbo su larga scala	Nei casi in cui la rinnovazione naturale non sia possibile o realizzabile solo in tempi lunghi (soprattutto dopo disturbi su vaste superfici) si raccomanda il ricorso alla rinnovazione artificiale, utilizzando semi o semenzali che derivano da adeguate fonti di seme o provenienze. Si possono utilizzare solo specie e provenienze adatte all'area di impiego.

	Tagli successivi uniformi	Il vecchio popolamento viene tagliato con una serie di interventi (2 o 3 a seconda delle specie in oggetto) che hanno lo scopo di favorire l'insediamento di un nuovo popolamento coetaneo sotto la temporanea protezione di quello vecchio. L'obiettivo è proteggere lo sviluppo della rinnovazione (rinnovazione naturale). Lo stato sovrastante delle piante madri viene lasciato per produrre seme e successivamente proteggere lo strato di rinnovazione sottostante fino a quando questo richieda protezione
Gestione ad alta intensità	Taglio raso con rinnovazione artificiale posticipata	Sistema di rinnovazione per boschi coetanei. Il taglio raso può anche essere utilizzato nella trasformazione di boschi puri (esempio popolamenti di abete rosso) in popolamenti misti. La trasformazione può essere effettuata gradualmente o con tagli raso seguiti da piantagioni per rinnovazione artificiale.
	Piantagioni fuori foresta	Piantagione di piantine forestali (semenzali) fuori da aree forestali.



2. GESTIONE FORESTALE SOSTENIBILE PER ABIES ALBA MILL.

2.1 Introduzione

Hojka Kraigher, Marjana Westergren

Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

L'abete bianco è una specie arborea monoica, anemofila e generalmente allogama, tipica delle foreste montane europee temperate (comprese quelle mediterranee e continentali) (si veda la mappa di distribuzione nella Figura 2.1.1).



Figura 2.1.1. Areale di distribuzione dell'abete bianco (EUFORGEN 2009, www.euforgen.org).

Può crescere su una vasta gamma di tipi di suolo, tranne quelli idromorfici e compatti. È molto tollerante l'ombra e può sopravvivere sotto la copertura arborea per decenni. Può raggiungere un'altezza di 50 (60) m in popolamenti puri, ma di solito è associato ad abeti rossi e/o pini nella parte superiore dell'areale e con faggi europei a basse altitudini. Può raggiungere la fase riproduttiva a 20 anni, ma di solito avviene dopo i 60 anni di età. I fiori femminili si trovano principalmente sui rami più alti della chioma, mentre i fiori maschili appaiono più in basso. È considerata specie con una scarsa produzione di semi, poiché pochi coni raggiungono la maturità a causa di insetti e gelate tardive. Fiorisce da aprile a giugno, a seconda della quota, e i coni maturano in 90-120 giorni. I coni maturi hanno un colore giallo-brunastro, crescono verso l'alto sui rami e si disintegrano quando i semi sono maturi, lasciando solo l'asse principale. A seconda delle condizioni del

sito, i conifere si disintegrano e i semi vengono dispersi dal vento tra settembre e ottobre. La raccolta dei semi deve essere ben programmata, affinché i conifere maturi possano essere raccolti (arrampicandosi su alberi in piedi o abbattuti) prima che si disintegrino (in Slovenia a metà settembre). Gli alberi si riproducono di solito periodicamente (ogni 4-6 anni), ma alcuni alberi, anche a seconda del sito, possono produrre conifere ogni anno (Kavaliauskas *et al.*, 2020).

I conifere possono essere raccolti per scopi commerciali solo se almeno il 50% dei semi è visibile al taglio longitudinale. Un litro di semi freschi pesa circa 400 g ed i semi hanno un contenuto di acqua dell'8-11%. In 1 kg di conifere possono esserci 15-30 conifere e in 1 kg di semi circa 14.000-23.000 semi non alati. Ogni cono può contenere 250-290 semi. La conservazione dei semi con un contenuto di acqua intorno all'8% è possibile per 3-5 anni in contenitori ermeticamente sigillati a -10° / -15°C. L'embrione dell'abete bianco è dormiente, è necessaria una stratificazione a freddo per 3-7 settimane prima della semina (Kraigher 2024; Regent, 1980; USDA 2008)

L'abete bianco, soprattutto nella fase giovanile, è suscettibile al regime di temperatura, alle gelate tardive e alla siccità prolungata. La sua rinnovazione è inoltre fortemente minacciata dall'attività degli ungulati e il cambiamento climatico influisce sulla ridotta resistenza a parassiti e malattie, soprattutto in prossimità delle regioni mediterranee. Tra i parassiti e le malattie, Kavaliauskas *et al.*, (2020) citano specificamente *Ips typographus* L., *Cinara pectinata* Nördlinger ed *Epinotia nigricans* Herrich-Schäffer che danneggiano la corteccia e i germogli, *Armillaria mellea* P. Kumm agg., e *Heterobasidium annosum* Bref. responsabili del marciume radicale e della parte inferiore del tronco, con conseguente inclinazione dell'abete danneggiato alla caduta a causa dei venti.

I pool genetici dell'abete bianco sono ben strutturati latitudinalmente in un pool genetico balcanico-sud-italiano, uno centro-europeo-nord-italiano, uno alpino, uno del sud della Francia e uno pirenaico (GenTree 2020), successivamente suddiviso in uno orientale e uno occidentale (Scotti-Santaigine *et al.*, 2021). Tuttavia, il modello di distribuzione della diversità genetica varia a seconda dei marcatori molecolari utilizzati (FORGENIUS 2023; GenTree 2020; Piotti *et al.*, 2017; Teodosiu *et al.*, 2019). La Tabella 2.1.1 riporta l'elenco dei siti per *Abies alba* Mill. del progetto LIFE SySTEMiC.

Tabella 2.1.1 Siti di *Abies alba* Mill. del progetto LIFE SySTEMiC.

Id	Nome del Sito	Paese	Specie	EFT*	Struttura	Sistema selvicolturale
06	Faltelli	Italy	<i>A. alba</i>	10.6	Coetanea	Tagli successivi uniformi
07	Tre Termini	Italy	<i>A. alba</i>	7.3	Disetanea	Taglio a scelta colturale
16	Gorski kotar, Skrad	Croatia	<i>A. alba</i>	3.2	Disetanea	Taglio a scelta colturale
26	Smolarjevo	Slovenia	<i>A. alba</i>	3.2	Disetanea	Taglio a scelta colturale
27	Leskova dolina	Slovenia	<i>A. alba</i>	7.4	Coetanea	Tagli successivi a gruppi
30	La Verna	Italy	<i>A. alba</i>	10.6	Disetanea/ Vetusta	Non gestito

* EFT = European Forest Type: 3.2 Subalpine and mountainous spruce and mountainous mixed spruce-silver fir forest; 7.3 Apennine-Corsican mountainous beech forest; 7.4 Illyrian mountainous beech forest; 10.6 Mediterranean and Anatolian fir forest: 14.1 Plantations of site-native species.

2.2 Struttura forestale, legno morto e microhabitat arborei

Davide Travaglini¹, Cesare Garosi¹, Francesco Parisi^{2,3}, Natalija Dovč⁴, Rok Damjanič⁴, Kristina Sever⁵

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli studi di Firenze (UNIFI), Italia.

² Università del Molise, Dipartimento di Bioscienze e del Territorio, Italia

³ NBFC, National Biodiversity Future Center, Italia

⁴ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

⁵ Slovenia Forest Service (SFS), Slovenia

La struttura forestale, il legno morto e i microhabitat arborei sono stati rilevati in 6 siti (Figura 2.2.1).



Figure 2.2.1. Siti di *Abies alba* Mill.

In ciascun sito è stata scelta un'area permanente con una struttura rappresentativa della gestione forestale. L'area aveva una forma quadrata con lato di 50 m (superficie di 2500 m²).

Solo quando il numero di alberi della specie *target* (*A. alba* Mill. con diametro a petto d'uomo > 2,5 cm) era inferiore a 30 alberi, è stata delimitata nel sito, un'altra area adiacente alla precedente, fino a raggiungere il numero minimo di 30 alberi. I protocolli dettagliati per il rilievo in campo e l'elaborazione dei dati sono disponibili sulla pagina web del progetto LIFE SySTEMiC website: <https://www.lifesystemic.eu/>.

A. alba Mill. è la specie arborea dominante (area basimetrica > 75%) nei Siti 16 - Gorski kotar, Skrad e 27 - Leskova dolina; nei restanti siti *A. alba* è più spesso mescolata con *Fagus sylvatica* L. (Siti 06 - Faltelli, 07 - Tre Termini, 30 - La Verna), *Acer pseudoplatanus* L. (Sito 06 - Faltelli), *Picea abies* (L.) H.Karst. (Sito 26 - Smolarjevo) e altre specie arboree secondarie.

La distribuzione spaziale degli alberi nei siti è riportata nella Figura 2.2.2. La Figura 2.2.3 mostra la distribuzione del numero di alberi nelle classi di diametro in ciascun sito.



Figura 2.2.2. Distribuzione spaziale degli alberi nei siti.

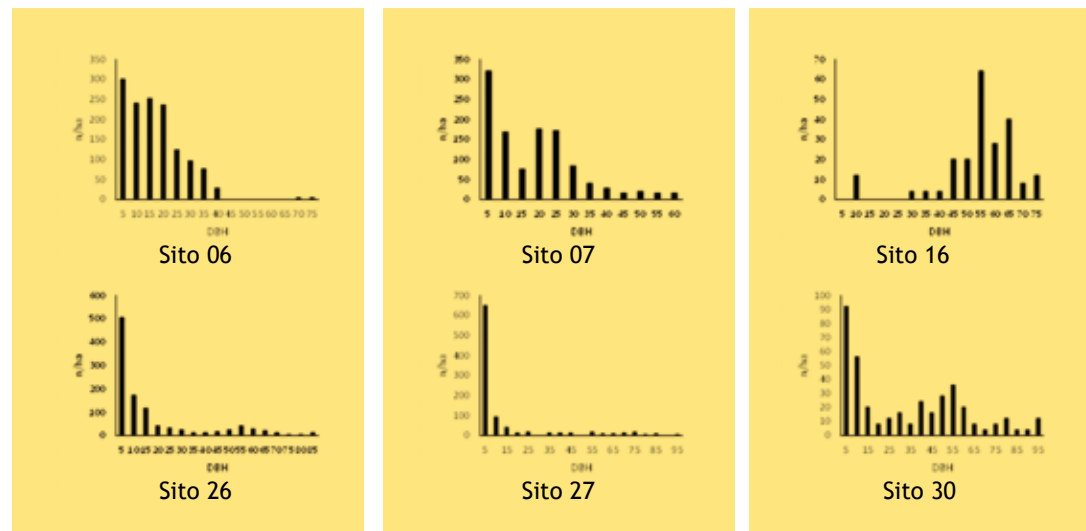


Figura 2.2.3. Distribuzione degli alberi in classi di diametro nei siti.

Nella Tabella 2.2.1 sono riportate le variabili utilizzate per descrivere la struttura forestale. Nei soprassuoli di *A. alba* analizzati, l'area basimetrica varia tra 38 m²/ha e 58 m²/ha e il volume varia tra 440 m³/ha e 998 m³/ha. Nei soprassuoli coetanei gestiti (Siti 06 - Faltelli, e 27 - Leskova dolina), l'area basimetrica è di 40 m²/ha e il volume di 496 m³/ha (valori medi); nei soprassuoli disetanei

gestiti (Siti: 07 - Tre termini, 16 - Klana, e 26 - Smolarjevo) l'area basimetrica è di 52 m²/ha e il volume di 722 m³/ha (valori medi). Nel soprassuolo vetusto (Sito 30 - La Verna), caratterizzato da una struttura disetanea, l'area basimetrica è di 56 m²/ha e il volume di 998 m³/ha.

La diversità della struttura forestale, rappresentata dalla diversità nella dimensione degli alberi (deviazione standard e coefficiente di variazione dei diametri (SDDBH) e delle altezze (SDH), era elevata nel soprassuolo vetusto (SDDBH 0 26.9%, SDH = 14.4%), seguito dai soprassuoli disetanei (SDDBH = 15.7%, SDH = 9.1%) e da quelli coetanei (SDDBH = 14.8%, SDH = 8.6%).

Tabella 2.2.1. Variabili della struttura forestale nei siti. N= Numero di alberi; BA=Area basimetrica; V=Volume; QMD= Diametro medio (diametro dell'albero di area basimetrica media); MH= Altezza media (altezza dell'albero di diametro medio letta sulla curva ipsometrica); DH= altezza dominante (nel caso di soprassuoli coetanei: media delle altezze dei 100 alberi/ha aventi i diametri più grandi; nel caso di soprassuoli disetanei: media delle altezze dei 3 alberi/ha più alti); SDDBH= deviazione standard dei diametri; SDH= deviazione standard delle altezze; CVDBH= coefficiente di variazione dei diametri; CVH= coefficiente di variazione delle altezze.

Id	N	BA	V	QMD	MH	DH	SDDBH	SDH	CVDBH	CVH
	n/ha	m ² /ha	m ³ /ha	cm	m	m	cm	m	%	%
06	1360	41.4	440.3	19.7	19.2	26.0	10.3	6.6	61.8	41.4
07	1132	44.6	504.7	22.4	19.3	27.2	13.1	8.5	72.3	59.2
16	216	53.5	882.6	56.2	33.5	39.5	14.1	7.2	26.0	22.4
26	1072	57.6	779.4	26.2	24.0	45.0	19.8	11.6	115.2	88.6
27	920	38.2	550.6	23.0	21.6	37.0	19.3	10.5	154.3	118.1
30	388	56.0	997.8	42.9	30.6	45.8	26.9	14.4	80.1	66.5

Nella Tabella 2.2.2 è riportata, per ogni sito, la quantità di legno morto presente. Nei popolamenti esaminati, il volume totale del legno morto oscillava tra 14 m³/ha e 426 m³/ha. Nei soprassuoli coetanei gestiti (Siti 06 - Faltelli e 27 - Leskova dolina), il volume totale di legno morto era di 24 m³/ha (valore medio), rappresentato per lo più da ceppaie (59%) e alberi morti in piedi (snag) (22%); nei soprassuoli disetanei gestiti (Siti 7 - Tre Termini, 16 - Gorski kotar, Skrad e 26 - Smolarjevo), la quantità totale di legno morto era di 48 m³/ha (valore medio), rappresentato perlopiù da alberi morti in piedi (43%) e ceppaie (32%). Il soprassuolo vetusto (Sito 30 - La Verna) presentava la maggiore quantità di legno morto (426 m³/ha), rappresentata da alberi morti in piedi (39%), alberi morti a terra (31%) e altri pezzi di legno morto a terra (29%).

Tabella 2.2.2. Volume di legno morto nei siti.

Id	Alberi morti in piedi (inclusi snag)	Alberi morti in piedi	Altri pezzi di legno morto a terra	Ceppaie	Totale
	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha
06	10.0	0.0	3.8	2.3	16.1
07	17.2	0.0	0.4	14.0	31.6
16	44.0	23.7	8.7	23.1	99.5
26	1.2	1.5	2.0	9.1	13.8
27	0.6	0.4	4.9	25.9	31.8
30	168.0	129.8	122.5	5.7	426.0

La frequenza dei microhabitat arborei in ciascun sito, rappresentata come percentuale di forme di microhabitat, è riportata nella Figura 2.2.4. Le cavità e le epifite sono risultate le forme di microhabitat più comuni in tutti i siti, ad eccezione del Sito 27 - Leskova dolina, dove le forme più frequenti sono state quelle di deformazione/accrescimento e lesioni/ferite.

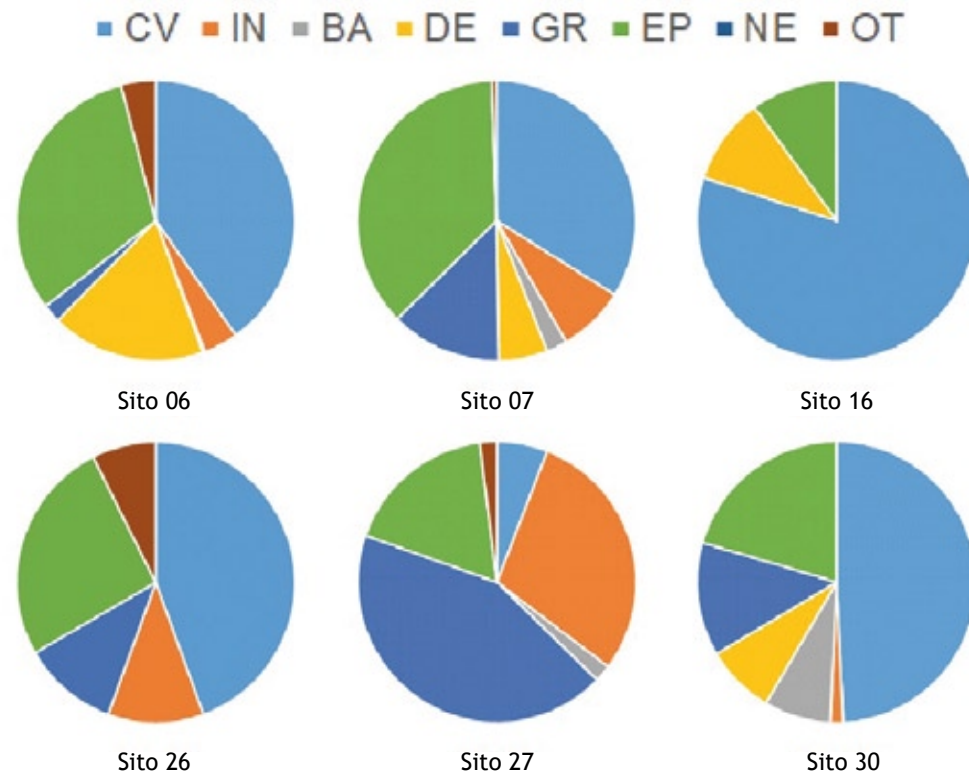


Figura 2.2.4. Microhabitat arborei nei siti (percentuale delle forme di microhabitat) (CV = Cavità; IN = Lesioni e ferite; BA = Corteccia; DE = Legno morto; GR = Deformazioni/forme di crescita; EP = Epifiti; NE = Nidi; OT = Altri).



Figura 2.2.5. Sito 30 - La Verna, foresta vetusta.



Figura 2.2.6. Sito 30 - La Verna, foresta vetusta.

2.3 Landscape Genomics

Cesare Garosi¹, Cristina Vettori^{1,2}, Marko Bajc³, Donatella Paffetti^{1,4}

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli studi di Firenze (UNIFI), Italia

² Istituto di Bioscienze e Biorisorse (IBBR), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Italia.

³ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

⁴ NBFC, National Biodiversity Future Center, Italia

I popolamenti forestali possono seguire due principali strategie per far fronte ai cambiamenti climatici: migrazione o adattamento (Aitken *et al.*, 2008). Tuttavia, i tassi di migrazione attuali probabilmente non saranno in grado di tenere il passo con la velocità attuale del cambiamento climatico (Davis *et al.*, 2001) e potrebbero essere ostacolati da barriere naturali e trasformazioni degli habitat indotte dalle attività antropiche (Hoegh-Guldberg *et al.*, 2008). D'altra parte, la diversità genetica delle popolazioni potrebbe essere fondamentale per mitigare gli effetti del cambiamento climatico (Mosca *et al.*, 2012) e per ottenere l'adattamento attraverso la selezione degli alleli potenzialmente "migliori" (più adattati) presenti nelle popolazioni (Barret *et al.*, 2008). La variabilità genetica è fondamentale per la *fitness* e la sopravvivenza degli individui all'interno di una popolazione ed è direttamente correlata alla capacità della specie di adattarsi a diversi ambienti (Balkenhol *et al.*, 2016). All'interno di ogni popolazione, i cambiamenti genetici, la plasticità e la capacità evolutiva derivano dalla combinazione di processi casuali e orientati selettivamente, che possono essere influenzati dalle pratiche forestali (Lefèvre *et al.*, 2014). Comprendere le dinamiche e i meccanismi di adattamento locale nelle popolazioni naturali fornisce una base per prevedere le risposte ai cambiamenti ambientali, inclusi quelli associati al cambiamento climatico. Si prevede che l'adattamento locale modifichi la frequenza degli alleli dei geni che influenzano la *fitness* in ambienti specifici (Lefèvre *et al.*, 2014). Pertanto, comprendere la relazione tra i genomi e le caratteristiche fenotipiche adattative e l'influenza che l'ambiente esercita su di esse potrebbe essere essenziale per prevedere il destino delle specie arboree in vista dei cambiamenti climatici (Babst *et al.*, 2019; Alberto *et al.*, 2013).

A. alba Mill. è una delle specie di conifere più rilevanti nelle regioni montuose dell'Europa mediterranea. Con il cambiamento climatico in corso, l'abete ha suscitato un rinnovato interesse grazie alla sua sorprendente tolleranza alla siccità osservata nell'Europa centrale e meridionale (Carrer *et al.*, 2010; Tinner *et al.*, 2013; Vitali *et al.*, 2017; Vitasse *et al.*, 2019). Sebbene sia opinione comune che questa conifera sia piuttosto resistente alla siccità (Bouriaud *et al.*, 2009; Elling *et al.*, 2009), negli ultimi decenni lo stress idrico è stato collegato al declino della crescita, alla defogliazione delle chio-me e a schemi disgiunti di dispersione dei semi e della rinnovazione (González de Andrés *et al.*, 2014, 2022). Le previsioni indicano siccità più frequenti e intense nell'area del Mediterraneo, in concomitanza con il riscaldamento globale, il che metterà ulteriormente alla prova la capacità della specie di far fronte alle nuove condizioni ambientali (Ozturk *et al.*, 2014). In questo contesto, la *Landscape Genomics* è emersa come un quadro analitico flessibile per comprendere le interazioni tra eterogeneità ambientale e variazione genetica adattativa nelle popolazioni naturali (Balkenhol *et al.*, 2016). Abbiamo utilizzato approcci di *Landscape Genomics* per analizzare la componente neutrale e adattativa diversità genetica al fine di evidenziare possibili profili di adattamento locale nelle popolazioni. Al fine di studiare i possibili modelli di adattamento locale, abbiamo utilizzato marcatori molecolari neutrali e adattativi in combinazione con dati spaziali e variabili derivati da indicatori bioclimatici. I marcatori microsatelliti nucleari (*nSSR nuclear Simple Sequence Repeats*) sono stati analizzati come misura della variazione genetica neutrale e della struttura di popolazione. I polimorfismi a singolo nucleotide (*SNP Single Nucleotide Polymorphism*) genotipizzati utilizzando un approccio di *target re-sequencing* di regioni genomiche candidate, sono stati analizzati come misura della variazione genetica adattativa delle popolazioni studiate (Figura 2.3.1). Come risultato del *target re-sequencing* di *A. alba*, sono stati osservati circa 1500 SNP in 24 regioni genomiche rilevanti per la risposta a uno o più stress abiotici (i risultati sono riportati nel *deliverable Action B1: SNP road-map of each study site*). Inoltre, abbiamo osservato la distribuzione geografica di questi SNP ed abbiamo disegnato delle *road-maps* per ciascuna specie, al fine di osservarne la distribuzione spaziale tra tutte le popolazioni analizzate (Figura 2.3.1).

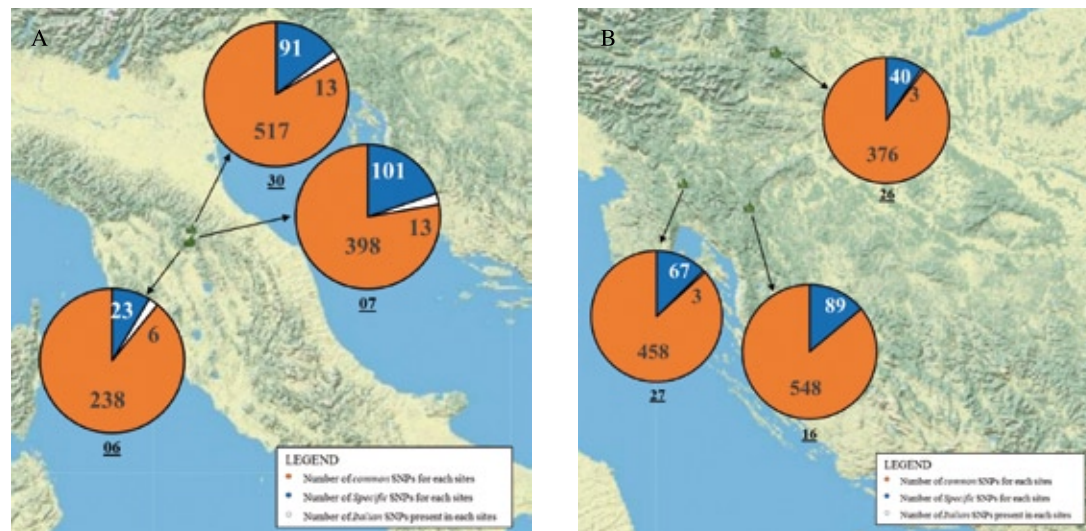


Figura 2.3.1. *Road-map* di *Abies alba* Mill. Distribuzione degli SNP nei siti del progetto LIFE SySTEMiC in Italia (A), Croazia e Slovenia (B). La figura riporta il numero di specifici sub-set di SNP, osservati in ogni sito di studio. La legenda riporta il tipo di dato suddiviso per colore. I colori rappresentano i seguenti sub-set: SNP presenti nel sito che sono comuni con almeno un altro sito (settore in arancione), SNP specifici per il sito di studio (settore in blu) e SNP presenti in quel sito che sono specifici per una nazione (settore in bianco). Sotto ogni grafico viene riportato il numero identificativo del sito corrispondente (in grassetto e sottolineato).

Un numero maggiore di SNP specifici per sito e specifici per regione è stato osservato nei siti situati in Italia (Figura 2.3.1). Questa prevalenza di SNP potrebbe essere interpretata come un "segno" di adattamento a un regime bioclimatico mediterraneo che caratterizza la penisola italiana e la distingue dal clima più continentale presente in Slovenia e Croazia. Come indicato in bibliografia, l'analisi per rilevare il "segno" dell'adattamento locale nelle popolazioni naturali richiede numerosi passaggi analitici (Blanquart *et al.*, 2013). Per ciascun sito, sono stati selezionati 12 indicatori bioclimatici dalla letteratura esistente (Flint *et al.*, 2013; Gugger *et al.*, 2016, 2021; Pluess *et al.*, 2016). Per identificare i modelli di adattamento locale delle specie *target*, abbiamo condotto analisi GEA (*Genotype-Environment Association*) a due livelli: analisi globale e analisi sito-specifica. L'analisi globale ci ha permesso di identificare possibili modelli di adattamento alle condizioni bioclimatiche che caratterizzano l'areale dell'abete bianco. I risultati dell'analisi hanno mostrato l'esistenza di 4 diversi *cluster* presenti in Italia, Croazia e Slovenia. Inoltre, un risultato ancora più interessante è stata l'identificazione di un'associazione tra 78 varianti alleliche e i valori medi dei 12 indicatori bioclimatici considerati per queste analisi (come riportato nel *deliverable Action B1: Production of maps of spatial distribution of genetic diversity and of correlation between allele distribution and environmental variation*). La presenza di queste associazioni potrebbe essere interpretata come il "genotipo base" di adattamento dell'abete bianco diffuso nell'areale dell'Europa centrale. Di particolare interesse è stata l'identificazione di alcune varianti alleliche associate specifiche per sito. La presenza di queste varianti alleliche potrebbe essere correlata a un modello di adattamento locale piuttosto che regionale. Nell'analisi dell'associazione ambientale (*EAA Environmental Analysis Associates*) è importante tenere conto della struttura genetica neutrale (Rellstab *et al.*, 2015), poiché la struttura genetica neutrale può produrre modelli simili a quelli attesi nei processi non neutrali (Excoffier e Ray, 2008; Excoffier *et al.*, 2009; Sillanpää, 2011). Inoltre, la struttura genetica di popolazione è stata ottenuta utilizzando 2 approcci di *clustering bayesiano*: uno che fa uso del software STRUCTURE al fine di determinare il numero di sottopopolazioni presenti (Pritchard *et al.*, 2000) e l'altro che fa uso del software GENELAND (Guillot 2008) per la spazializzazione delle stesse.

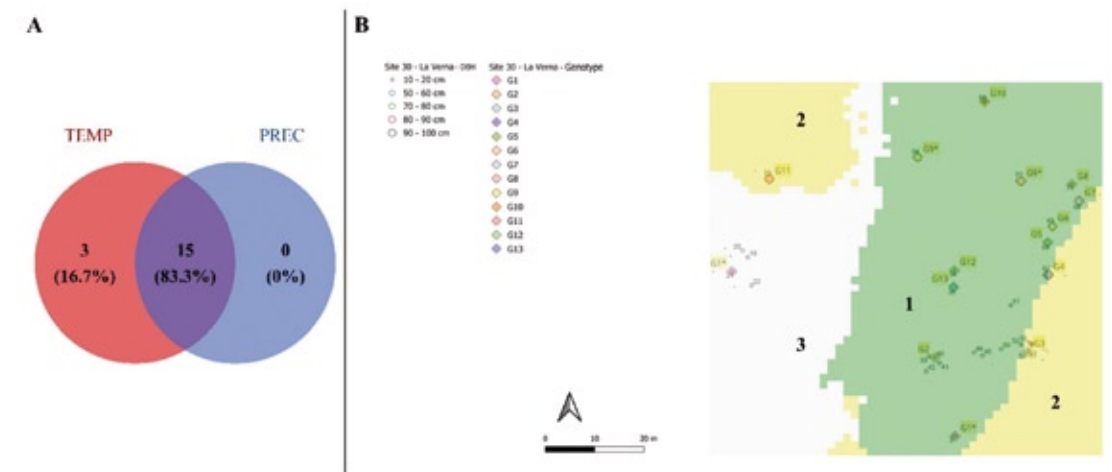


Figura 2.3.2. Risultati dell'analisi LFMM (*Latent Factor Mixed Models*) e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 30 - La Verna. (A) Il diagramma di Venn mostra la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell'analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 3 *cluster* (risultati STRUCTURE/GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori uguali significano genotipi identici.

In generale, abbiamo osservato un numero da moderato a elevato di varianti alleliche specifiche nei siti non gestiti (es. Sito 30 - La Verna; Figura 2.3.2). La presenza di un elevato numero di SNP associati agli indicatori bioclimatici in questi siti potrebbe essere correlata alla struttura genetica neutrale osservata (Aravanopoulos, 2018; Paffetti *et al.*, 2012; Stiers *et al.*, 2018). Alcuni studi hanno osservato che questi popolamenti sono caratterizzati da una struttura genetica neutrale complessa, caratterizzata da un elevato numero di *cluster* familiari. Questa grande variabilità potrebbe consentire una maggiore probabilità di comparsa di nuove varianti alleliche, arricchendo il potenziale adattativo di questa specie in vista dei cambiamenti climatici attuali e futuri. Una situazione simile è stata osservata nei popolamenti gestiti con tipi di gestione a bassa intensità: taglio a scelta culturale. Anche in questo caso, il numero di varianti alleliche specifiche per ogni sito è elevato. Analizzando il modello di distribuzione della diversità genetica sulla base dei dati SSR, abbiamo osservato che i popolamenti di abete bianco gestiti secondo il taglio a scelta culturale, presentano una struttura genetica spaziale complessa ed eterogenea. Ciò può essere attribuito all'accoppiamento non casuale tra individui non strettamente imparentati. Un dato interessante è il numero di varianti alleliche associate agli indicatori bioclimatici che caratterizzano l'ambiente locale del Sito 07 - Tre Termini (Figura 2.3.3).

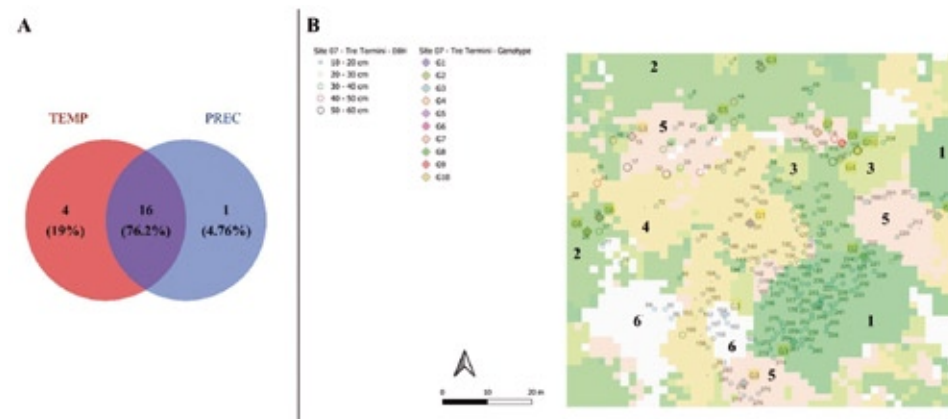


Figura 2.3.3. Risultati dell'analisi LFMM (*Latent Factor Mixed Models*) e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 07 - Tre Termini. (A) Il diagramma di Venn mostra la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell'analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 3 *cluster* (risultati STRUCTURE/GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori uguali significano genotipi identici.

Grazie alla sua straordinaria capacità di disseminazione e radicazione, l'abete bianco si rinnova facilmente, permettendo una gestione *close to nature*; la foresta mostra una rinnovazione naturale senza alcun intervento umano di piantagione. Le abetine, infatti, si rinnovano naturalmente, senza alcun intervento umano. I problemi di rinnovazione si verificano solo nei soprassuoli sovrautilizzati (di solito in foreste che non hanno un sistema di gestione controllato). Dai risultati ottenuti per ciascun popolamento studiato, è stato possibile osservare una struttura genetica spaziale semplificata nelle foreste non gestite/vetuste. Ciò può essere dovuto a una minore rinnovazione naturale rispetto ai siti gestiti. Il Sito 07 - Tre Termini e il Sito 26 - Smolarjevo (Figura 2.3.4), gestiti seguendo il taglio a scelta culturale, presentano una struttura genetica spaziale più complessa, rispetto agli altri siti gestiti (rispettivamente, 6 e 5 *cluster* familiari), nonché il maggior numero di SNP associati a indicatori bioclimatici. La complessità riportata per questi siti implica un ecosistema dinamico e adattabile, capace di rispondere ai cambiamenti ambientali generando nuova variabilità genetica attraverso la ricombinazione e il flusso genico tra le sottopopolazioni. Inoltre, abbiamo osservato un elevato numero di SNP correlati con indicatori bioclimatici in diversi siti. La presenza di queste varianti alleliche associate agli indicatori bioclimatici che meglio caratterizzano l'ambiente locale è importante per l'adattamento.

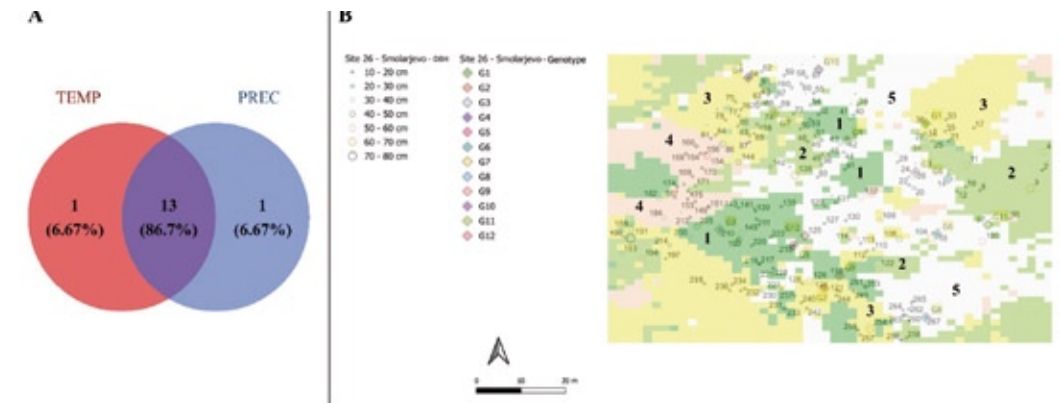


Figura 2.3.4. Risultati dell'analisi LFMM (*Latent Factor Mixed Models*) e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 26 - Smolarjevo. (A) Il diagramma di Venn mostra la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell'analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 5 *cluster* (risultati STRUCTURE/GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori uguali significano genotipi identici.

La creazione di aperture nella copertura forestale e la complessità della struttura che caratterizza questi boschi potrebbero essere legate a una maggiore probabilità di ricombinazione genica tra genotipi appartenenti a diversi gruppi familiari. Il potenziale della gestione selvicolturale a ridotto impatto per conservare la diversità genetica adattativa appare promettente.

I tipi di gestione meno impattanti, come il taglio a scelta, sembrano mostrare popolazioni con un elevato numero di varianti alleliche associate alla risposta alle variabili ambientali. Risultati simili sono stati osservati in popolamenti non gestiti e in foreste vetuste. I risultati riportati in questo studio potrebbero avere un ruolo fondamentale nella pianificazione della gestione selvicolturale, dove la conoscenza della diversità genetica adattativa potrebbe aiutare i processi decisionali. Ciò è importante per preservare le attuali risorse genetiche forestali (*FGR-Forest Genetic Resources*), ma anche per arricchire i popolamenti esistenti con genotipi potenzialmente favorevoli all'adattamento.

2.4 Biodiversità del suolo

Tanja Mrak, Tina Unuk Nahberger, Tine Grebenc, Hojka Kraigher

Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

La biodiversità a tutti i livelli (genetico, di specie, di ecosistema) supporta le dinamiche forestali sostenibili, comprese le diverse funzioni e la biologia delle specie forestali e la loro diversità genetica. Nelle foreste temperate europee, la maggior parte delle specie arboree che formano il popolamento sono in simbiosi con funghi ectomicorrizici (Kraigher *et al.*, 2013). Grazie al micelio extramatricale, che si forma con le ife emesse e/o i rizomorfi (cioè fasci di ife), i funghi ectomicorrizici crescono nel substrato circostante e assorbono nutrienti e acqua da compartimenti inaccessibili alle radici degli alberi (Finlay, 2008). La compatibilità funzionale nella simbiosi dipende dalla specie, dalla provenienza/popolazione degli alberi forestali e dalla specie e dal ceppo dei funghi simbiotici (Gianinazzi-Pearson, 1984; Hazard *et al.*, 2017). Pertanto, l'identificazione dei funghi micorrizici è di estrema importanza per comprendere il funzionamento degli ecosistemi forestali.

La diversità delle ectomicorrize dell'abete bianco è stata studiata nel Sito 26 - Smolarjevo da marzo 2016 a ottobre 2017 con intervalli di quattro settimane, utilizzando un approccio morfo-anatomico combinato con il sequenziamento Sanger (Unuk Nahberger, 2020). Lo studio ha coinvolto 5 alberi distanti tra loro 5-7 metri, e in ogni campagna di campionamento sono state esaminate un totale di 500 apici radicali per albero (inclusi vitali e non). Complessivamente sono stati segnalati 42 taxa. I dieci taxa più abbondanti sono stati *Thelephora wakefieldiae*, *Russula ochroleuca*, *Elaphomyces granulatus*, *Xerocomellus pruinatus*, *Lactarius subdulcis*, *Neoboletus erythropus*, *Cenococcum geophilum*, *Tomentella stiposa*, *Russula badia* e *Tylospora fibrillosa*. Le elevate abbondanze relative di *Thelephora*, *Tylospora* e *Lactarius* nel Sito 26 - Smolarjevo possono essere attribuite al contenuto relativamente alto di azoto nel suolo (0,62%), che potrebbe anche determinare l'assenza o la bassa abbondanza di taxa sensibili all'azoto, come *Cortinarius*, *Tricholoma* e *Piloderma*.

Il mese di campionamento è stato una componente significativa e determinante per la vitalità delle ectomicorrize ($p=0,04$), della ricchezza delle specie ($p=0,001$), dell'uniformità ($p=0,002$) e della dominanza ($p=0,011$) nel Sito 26 - Smolarjevo. Nel 2016, la proporzione più alta ($p<0,05$) di ectomicorrize vitali è stata osservata a luglio ed agosto e la più bassa a marzo e maggio. Nel 2017, la vitalità più alta è stata osservata a maggio e la più bassa a giugno. La massima vitalità delle ectomicorrize seguiva o coincideva con il periodo dell'apertura delle gemme in *A. alba* Mill. L'estate è stata generalmente caratterizzata da una diminuzione della ricchezza delle specie, dell'uniformità e dell'abbondanza delle specie più abbondanti e rare. Queste variazioni sono correlate con la dinamica di sviluppo radicale, dove i due picchi di crescita delle radici fini, in primavera e in autunno, vengono interrotti da un periodo di relativa inattività in estate (Unuk Nahberger, 2020).

2.5 Impatto della brucatura

Natalija Dovč¹, Rok Damjanič¹, Marjana Westergren¹, Marko Bajc¹, Davide Travaglini², Andrej Breznikar³, Hojka Kraigher¹

¹ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

² Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli studi di Firenze (UNIFI), Italia.

³ Slovenia Forest Service (SFS), Slovenia

Nel corso dell'ultimo secolo, la densità e la distribuzione spaziale dei grandi erbivori, in particolare del capriolo (*Capreolus capreolus*, Linnaeus, 1758) e del cervo nobile (*Cervus elaphus*, Linnaeus, 1758), è aumentata significativamente nella maggior parte dei Paesi europei, compresa la Slovenia (Hafner *et al.*, 2020). È noto che la brucatura da parte degli ungulati ha un impatto significativo sugli ecosistemi forestali. Gli ungulati tendono a selezionare specifiche specie o individui arborei, avvantaggiando così altre specie meno appetibili. Pertanto, la brucatura può influenzare fortemente la struttura, la composizione, la crescita e la successione delle foreste. A lungo termine, ciò potrebbe portare a una riduzione della diversità delle specie e minacciare la resilienza delle foreste di fronte a future perturbazioni.

Nell'ambito dell'attività B3 del progetto LIFE SySTEMiC, abbiamo voluto investigare se l'impatto della brucatura degli ungulati in aree con alta densità di fauna selvatica, e di conseguenza con elevata pressione di brucatura, potesse essere rilevato anche nella diversità genetica della rinnovazione naturale. Questa ricerca ha coinvolto una pianificazione sperimentale completa, l'istituzione di parcelle di ricerca (sia recintate che non recintate) per 4 specie *target* - abete bianco (*Abies alba* Mill.), faggio (*Fagus sylvatica* L.), pino domestico (*Pinus pinea* L.) e farnia (*Quercus robur* L.) - in Slovenia e in Italia (Figura 2.5.1), e un ampio inventario della rinnovazione naturale delle specie arboree forestali (Figura 2.5.2). L'importanza dell'impatto della brucatura degli ungulati e la descrizione del nostro studio sono trattate in questo capitolo, poiché tra le 4 specie, uno studio più approfondito è stato condotto proprio su questa specie, che ha incluso anche analisi genetiche.

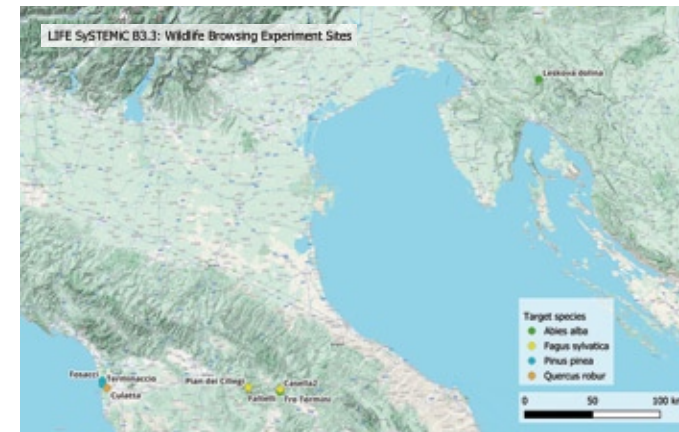


Figura 2. 5.1. Siti sperimentali di studio dell'impatto della brucatura da parte degli ungulati.

La realizzazione delle parcelle è stata effettuata seguendo il protocollo per “*Ungulate Browsing Experiment Protocol*” in LIFE SySTEMiC Technical Manual. Sono state istituite 4 coppie di parcelle, ciascuna composta da una parcella recintata e una non recintata, per un totale di 4 repliche. Ogni parcella aveva una dimensione di 12,5 x 12,5 m. Gli angoli delle parcelle sono stati contrassegnati con pali di legno e colorati con vernice permanente. Le parcelle, scelte per essere protette dagli ungulati, sono state recintate.

Confrontando la composizione delle specie della rinnovazione naturale e degli alberi adulti, abbiamo cercato di quantificare l'intensità della pressione della brucatura della fauna selvatica. In uno dei siti, a Sito 27 - Leskova dolina, abbiamo condotto un secondo inventario della rinnovazione naturale dell'abete bianco due anni dopo il rilevamento iniziale. Questo approccio *follow-up* mirava a determinare se fosse possibile rilevare cambiamenti nell'abbondanza della rinnovazione naturale in un periodo così breve. L'inventario è stato seguito dal campionamento: abbiamo effettuato il campionamento sia delle piantine di abete bianco sia degli alberi adulti. L'obiettivo era confrontare gli indicatori di diversità genetica, basati su marcatori *nSSR-nuclear Simple Sequence Repeats*, tra il novellame nelle parcelle non recintate che in quelle recintate, nonché il confronto con gli alberi adulti (potenziali genitori). In particolare, eravamo interessati a verificare una possibile riduzione della diversità genetica delle piantine nelle parcelle non recintate, soggette a pressione di brucatura, rispetto alle parcelle recintate e agli alberi maturi, due anni dopo la recinzione.



Figura 2.5.2. Misurazione dell'altezza del novellame (sinistra), valutazione dei danni da brucatura (centro) e dimostrazione dell'inventario (destra).

Nei siti di abete bianco con alte densità di ungulati, l'impatto della brucatura sulla rinnovazione naturale è ben noto tra i gestori forestali. Nel nostro studio, questo riguarda principalmente i Siti 06 - Faltelli e 27 - Leskova dolina, dove abbiamo osservato vari effetti della brucatura:

- **Scarsa abbondanza di rinnovazione di abete bianco nella classe di altezza più alta**, in particolare nella classe di altezza superiore ai 150 cm, che a volte era completamente assente nei nostri siti di ricerca. Questa soglia di altezza è cruciale, poiché segna il punto in cui l'impatto della brucatura degli ungulati sulla composizione forestale diventa trascurabile. Questa classe di altezza fornisce quindi la base per la formazione dei futuri popolamenti forestali (Hafner *et al.*, 2020). L'assenza di piantine in questa classe suggerisce che la pressione della brucatura potrebbe ostacolare il successo dell'insediamento di alcune specie. Idealmente, la rinnovazione naturale dovrebbe essere rappresentata in tutte le classi di altezza. La presenza di piantine nella classe di altezza più bassa indica una produzione di semi sufficiente e un iniziale insediamento. Tuttavia, la presenza nelle classi di altezza superiore significa che le piantine sono in grado di resistere ai disturbi ambientali e di rimanere competitive.
- **Proporzione più bassa di abete bianco nella rinnovazione rispetto alla popolazione adulta**. Questa disparità è più evidente nel Sito 27 e può essere attribuita, almeno in parte, alla brucatura degli ungulati. Le specie preferite perdono competitività, principalmente a causa della brucatura delle gemme apicali. Una brucatura intensa comporta una diminuzione dell'altezza di queste specie nella stratificazione della rinnovazione, incidendo significativamente sulla loro capacità competitiva (Horsley *et al.*, 2003; Tremblay *et al.*, 2007). La pressione degli ungulati impatta fortemente le specie appetibili, portando alla dominanza di specie meno appetibili come l'abete rosso (*Picea abies* (L.) H. Karst.). Questo cambiamento può ridurre la biodiversità complessiva e influenzare i processi di rinnovazione forestale (D'Aprile *et al.*, 2020).
- **Danno elevato alla rinnovazione**. La maggior parte dei danni causati dalla brucatura è stata osservata in abete bianco, con i danni maggiori nelle classi di altezza 11-50 cm e 51-150 cm. Tra gli alberi decidui, l'acero montano (*Acer pseudoplatanus* L.), il sorbo degli uccellatori (*Sorbus aucuparia* L.) ed il leccio (*Quercus ilex* L.) sono risultate le specie più appetibili nelle aree di studio, mentre il faggio non è stato danneggiato dalla brucatura. Studi condotti in Europa centrale e sud-orientale (Shulze *et al.*, 2014) riportano come i cervi, preferendo alcune specie, contribuiscono all'omogeneizzazione del sottobosco, potenzialmente influenzando la struttura e la biodiversità forestale a lungo termine.

Nonostante i visibili effetti della brucatura degli ungulati sulla struttura e composizione della rinnovazione naturale, non sono stati rilevati effetti genetici significativi. La diversità genetica non differiva significativamente tra gli alberi adulti di abete bianco e la loro rinnovazione, sia nelle parcelle recintate che in quelle non recintate.

L'impatto della brucatura su diverse specie e stadi di crescita degli alberi forestali varia significativamente. Le foreste giovani, in particolare durante i primi stadi di crescita, affrontano spesso una maggiore pressione di brucatura, che influisce gravemente sui tassi di sopravvivenza e crescita della rinnovazione. Specie come la quercia e il faggio, più resistenti alla brucatura, potrebbero resistere meglio a questa pressione rispetto all'abete e al pino, che sono più suscettibili. Gli impatti differenziati della brucatura possono portare a cambiamenti nella composizione forestale nel tempo, favorendo le specie più resistenti e potenzialmente alterando l'ecosistema forestale (Hafner *et al.*, 2020).

Strategie efficaci di gestione forestale devono considerare queste dinamiche per sostenere ecosistemi forestali diversificati e resilienti. I gestori forestali potrebbero implementare una brucatura controllata, misure protettive come recinzioni, e promuovere una composizione mista di specie che includa alberi più resistenti alla brucatura (Hafner *et al.*, 2020). Strategie di gestione alternative per le popolazioni di ungulati potrebbero fornire "finestre di opportunità" per la rinnovazione forestale nel tempo e/o nello spazio (Didion *et al.*, 2009). Inoltre, integrare la gestione della fauna selvatica per regolare le popolazioni di erbivori può minimizzare gli impatti negativi, assicurando che gli ecosistemi forestali rimangano resilienti e produttivi. Tali strategie sono cruciali per bilanciare gli obiettivi di conservazione con le realtà ecologiche delle interazioni con la fauna selvatica erbivora (Hafner *et al.*, 2020).

2.6 Modello GenBioSilvi

Roberta Ferrante^{1,2}, Cesare Garosi¹, Cristina Vettori^{1,3}, Davide Travaglini¹, Donatella Paffetti¹

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze (UNIFI), Italia

² NBFC, National Biodiversity Future Center, Italia

³ Istituto di Bioscienze e Biorisorse (IBBR), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Italia

Lo sviluppo del modello GenBioSilvi si basa sulla conservazione della biodiversità degli ecosistemi forestali e sulla Gestione Forestale Sostenibile in risposta agli stress abiotici. Pertanto, il modello GenBioSilvi si è focalizzato sulla definizione di indicatori di diversità genetica e altri indicatori di biodiversità degli ecosistemi forestali attraverso diversi tipi di foreste europee (EFT) per identificare pratiche selvicolturali ottimali volte a conservare/aumentare la diversità genetica che conferisce la capacità di rispondere ai cambiamenti climatici.

Misurare la diversità genetica è cruciale per comprendere lo stato di resilienza degli ecosistemi forestali. Analizzando il modello di distribuzione della diversità genetica basato sui dati SSR (*Simple Sequence Repeats*), abbiamo osservato che le foreste di abete gestite secondo il taglio a scelta colturale presentano una struttura genetica spaziale complessa ed eterogenea. Quest'ultima caratteristica aumenta la possibilità di ricombinazione sessuale tra gli individui del soprassuolo e quindi la loro capacità di rispondere ai cambiamenti climatici.

Dai risultati ottenuti per ciascuna delle foreste studiate (si veda *deliverable Action B2 GenBioSilvi model*), è stato possibile osservare una struttura genetica spaziale semplificata nelle foreste non gestite o vetuste. Questo può essere dovuto a una minore rinnovazione naturale rispetto ai siti gestiti. Il Sito 07 - Tre Termini e il Sito 26 - Smolarjevo, gestiti secondo il taglio a scelta colturale, hanno riportato la struttura genetica spaziale più complessa tra i siti gestiti (rispettivamente, 6 e 5 *cluster* genetici). La complessità riportata per il Sito 07 - Tre Termini implica un ecosistema dinamico e adattabile, capace di rispondere ai cambiamenti ambientali generando nuova variabilità genetica attraverso la ricombinazione e il flusso genico tra sottopopolazioni. Inoltre, abbiamo osservato un alto numero di SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) correlati alle attuali condizioni ambientali nei vari siti. Abbiamo riscontrato che il Sito 16 - Skrad (taglio a scelta colturale) e il Sito 07 - Tre Termini (taglio a scelta colturale) presentavano un numero più elevato di SNP correlati agli indicatori bioclimatici.

In base ai nostri risultati, possiamo ipotizzare che le condizioni ottimali si trovano nei siti gestiti con il taglio a scelta colturale.

Per descrivere la struttura forestale, abbiamo osservato dati dendrometrici. Una foresta disetanea pluristratificata supporta la presenza di rinnovazione naturale poiché mostra aperture nella copertura che creano condizioni ideali per l'insediamento della rinnovazione naturale. Inoltre, una foresta pluristratificata aumenta la probabilità di presenza di specie sporadiche. Una foresta pluristratificata consente un'elevata dispersione di polline, promuovendo la diversità genetica. Pertanto, in base ai parametri utilizzati per definire la struttura forestale, abbiamo osservato che i siti caratterizzati da una struttura forestale disetanea bi-stratificata presentano anche una complessa struttura genetica spaziale e un'elevata diversità genetica. Il Sito 16 - Skrad, gestito secondo il taglio a scelta colturale, ha mostrato una struttura forestale monostratificata e la distribuzione in classi di diametro segue una curva unimodale, che implica l'assenza di rinnovazione naturale. Invece, il sito 30 - La Verna, foresta non gestita, ha mostrato una struttura forestale bi-stratificata e una distribuzione in classi di diametro a J rovesciata.

La presenza di legno morto può promuovere la germinazione e lo sviluppo delle piantine delle specie arboree, fungendo da sito di *nursery* e contribuendo così al rinnovamento della foresta. Per quanto

riguarda la quantità di legno morto, la situazione migliore è stata osservata nei siti non gestiti, che hanno mostrato un volume maggiore di legno morto. Il legno morto fornisce un importante microhabitat per lo sviluppo e la conservazione di specie fondamentali per l'ecosistema forestale. Oltre al legno morto, abbiamo osservato altri indicatori legati ai microhabitat saproxilici. Il maggior numero di microhabitat arborei è stato rilevato in siti dove sono presenti individui secolari con deformazioni del tronco e cavità. La frequenza dei microhabitat epixilici è inferiore rispetto a quella dei saproxilici in tutte le popolazioni osservate. Gli epixilici sono utilizzati come indicatori per valutare le condizioni dell'ecosistema. La presenza di questi microhabitat rappresenta una fonte importante di biodiversità. Sulla base dei risultati ottenuti, i tipi di gestione che permettono strutture forestali complesse, caratteristiche di popolamenti disetanei e pluristratificati, aumentano la probabilità di osservare diverse forme di microhabitat.

Tutti i siti analizzati sono popolamenti misti di abete. In effetti, l'abete è una specie sciafila che raramente forma foreste pure. Invece, è un componente importante delle foreste miste nei piani montani e subalpini, ad esempio, può essere associato al faggio (*Fagus sylvatica* L.), che ha requisiti climatici e pedologici simili, mentre ad altitudini subalpine può essere associato al larice (*Larix decidua* Mill.) e all'abete rosso (*Picea abies* (L.) H.Karst.).

Analizzando i risultati, abbiamo osservato che la condizione che conserva e/o aumenta la diversità genetica è il sito gestito con taglio a scelta colturale. Questo tipo di gestione è meno impattante, inoltre, imita le condizioni normalmente riscontrabili nelle foreste vetuste e non gestite. La rimozione di pochi individui basata sul fenotipo e sulla posizione porta alla formazione di aperture nella copertura arborea che favoriscono la crescita della rinnovazione naturale. Rispetto ai popolamenti di abete non gestiti, dove non c'è rinnovazione naturale o è presente solo in aree marginali, i popolamenti gestiti secondo il taglio a scelta colturale presentano aperture nella copertura forestale e forniscono condizioni ottimali per l'insediamento della rinnovazione naturale.

Questo tipo di gestione aumenta la complessità della struttura forestale, che presenta una struttura a più strati, caratteristica tipica di una foresta disetanea. Ciò consente una migliore dispersione del polline, con un alto flusso genico, poiché sono presenti meno barriere. Questo promuove la diversità genetica e aumenta la complessità genetica spaziale, portando a una maggiore probabilità di comparsa di nuove varianti alleliche, essenziali per rispondere ai cambiamenti climatici. Inoltre, un aspetto chiave della resilienza del popolamento forestale è la presenza di alti livelli di biodiversità. Dai nostri risultati, abbiamo osservato che i popolamenti che presentano una maggiore diversità genetica mostrano anche una maggiore biodiversità a livello di ecosistema e di specie.

Sulla base dei risultati ottenuti durante le analisi e dagli indicatori dell'ecosistema forestale calcolati, è possibile simulare lo stato della diversità genetica del popolamento e guidare gli utilizzatori verso una gestione sostenibile per conservare e/o aumentare la diversità genetica presente.

Considerando i risultati ottenuti dall'analisi di tutti gli indicatori di biodiversità, abbiamo sviluppato un modello che descrive lo stato attuale delle risorse genetiche all'interno del sito. Questo modello è stato sviluppato per aiutare gli utilizzatori forestali nella verifica dello stato attuale della biodiversità del popolamento e fornire linee guida per una gestione sostenibile. Per sviluppare un modello adatto e di facile utilizzo, abbiamo osservato che è possibile identificare un insieme di indicatori chiave più rappresentativi. Gli indicatori alla base del modello possono descrivere indirettamente lo stato della diversità genetica del popolamento, come emerso dai risultati ottenuti. Inoltre, è possibile identificare alcuni indicatori che sono più rappresentativi della biodiversità in termini di legno morto, microhabitat arborei e diversità di specie. Per questo motivo, abbiamo deciso di escludere nella scheda sviluppata per gli utilizzatori la raccolta di dati sulla diversità genetica e sulla diversità del suolo, che sono difficili da osservare direttamente in campo. A tal fine, abbiamo sviluppato un modello che prevede l'osservazione di alcuni indicatori chiave che descrivono lo stato attuale del popolamento analizzato. Gli indicatori selezionati sono riportati nella Tabella 2.6.1.

Tabella 2.6.1. Descrizione degli indicatori selezionati per valutare lo stato dei popolamenti.

Categorie	Indicatori	Descrizione
Struttura forestale	Deviazione standard (SD) dei diametri a petto d'uomo (DBH)	Variazione dei diametri degli alberi presenti nello stand analizzato
	% di piante nello strato di rinnovazione (con DBH compreso tra 2,5 e 10 cm)	Presenza di rinnovazione naturale da seme della specie target
	Curva di distribuzione in classi di diametro	Complessità di struttura verticale ed orizzontale
Struttura verticale (distribuzione in altezza degli alberi)		
Legno morto	Presenza di legno morto in piedi	Descrizione della presenza di legno morto in piedi e a terra
	Detriti legnosi grossolani	
Diversità di specie	Ricchezza di specie	Presenza di altre specie arboree nel sito
	Percentuale di rinnovazione della specie non-target	
Microhabitat arborei	Percentuali di cavità presenti	Presenza di microhabitat



Il modello prevede la produzione di un modulo che richiede la compilazione di alcuni parametri facilmente osservabili in campo dagli utilizzatori. Sulla base dei risultati ottenuti dal LIFE SySTEMiC, abbiamo scelto delle soglie di valore per ogni indicatore selezionato. L'annotazione dei dati reali per ogni indicatore produrrà un punteggio basato sulle soglie selezionate. Il punteggio finale è associato all'identificazione dello stato attuale del popolamento analizzato. Per ciascun punteggio finale, vengono fornite indicazioni sulle possibili azioni da intraprendere per implementare una gestione sostenibile del popolamento (Figura 2.6.1). Di seguito è riportato l'esempio della scheda che abbiamo realizzato per la compilazione (Figura 2.6.2). La Figura 2.6.3 mostra invece la scheda compilata sulla base dei dati reali ottenuti dal Sito

Below is the example of the form we produced for compilation (Figure 2.6.2). Instead, Figure 2.6.3 shows the compiled form based on the actual data obtained from the Site 07 - Tre Termini.

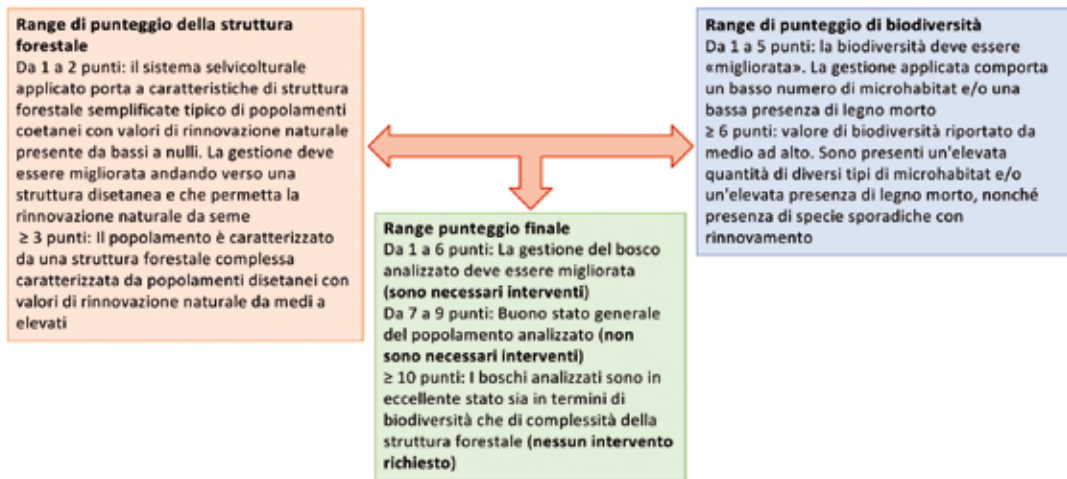


Figura 2.6.1. Linee guida per la gestione forestale basate sul punteggio finale ottenuto dalla valutazione e compilazione del modulo.



SCHEDA DI VALUTAZIONE GenBioSilvi		
Riferimenti del sito (località, posizione, ecc.)	Sistema selvicolturale attualmente applicato	Indicazioni per una Gestione Forestale Sostenibile sotto Cambiamenti Climatici
Indicatori di struttura forestale	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale orizzontale e verticale
Deviazione standard (SD) dei diametri a petto d'uomo (DBH)	Score 1 (DBH SD < 5) Score 2 (5 ≥ DBH SD ≤ 15) Score 3 (DBH SD > 15)	Score 1 (Struttura forestale semplificata senza rinnovazione) - da 4 a 6 Score 2 (Struttura forestale semplificata con rinnovazione o struttura forestale complessa senza rinnovazione) - da 7 a 8 Score 3 (Struttura forestale complessa con rinnovazione) - da 9 a 11 Score 4 (Struttura complessa con rinnovazione in tutta l'area) - da 12 a 13
% di piante nello strato di rinnovazione (con DBH compreso tra 2,5 e 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) Score 4 (% Rinn ≥ 50)	
Curva di distribuzione in classi di diametro	Score 1 (Uni-modale) Score 2 (Bi modale) Score 3 (J rovesciata)	
Struttura verticale (distribuzione in altezza degli alberi)	Score 1 (Mono-stratificato) Score 2 (Bi-stratificato) Score 3 (Multi-stratificato)	
Punteggio indicatori di struttura forestale		
Indicatori di biodiversità	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale
Indicatori legno morto		
Presenza di legno morto in piedi	Score 1 (assenza di legno morto in piedi) Score 2 (presenza di legno morto in piedi)	Score 1 (Assenza di legno morto) - 1 Score 2 (Presenza di legno morto in piedi e assenza di detriti) - 3
Detriti legnosi grossolani	Score 1 (assenza di detriti legnosi) Score 2 (presenza di detriti legnosi)	Score 3 (Presenza di legno morto in piedi e presenza di detriti) - 4
Indicatori di diversità di specie		
Presenza/assenza di altre specie	Score 1 (assenza di altre specie) Score 2 (presenza di altre specie)	Score 1 (Sito monospecifico) - 2 Score 2 (Specie sporadiche con poca o assente rinnovazione) - 3 Score 3 (Specie sporadiche con presenza di rinnovazione) - da 4 a 6
% di rinnovazione di altre specie oltre la specie target (diametro da 2,5 a 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) Score 4 (% Rinn ≥ 50)	
Indicatori di microhabitat arborei		
% di alberi con cavità	Score 1 (% piante < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 50) Score 3 (% Rinn ≥ 50)	Score 1 (Assenza o basso numero di microhabitat) - 1 Score 2 (Presenza di microhabitat) - 2 Score 3 (Alto numero di microhabitat presenti) - 3
Punteggio indicatori di struttura forestale		
Punteggio complessivo		

Figura 2.6.2. Struttura della scheda di valutazione del popolamento forestale.

LIFE SySTEMiC SCHEDA DI VALUTAZIONE GenBioSilvi		
Riferimenti del sito (località, posizione, ecc.)	Sistema selvicolturale attualmente applicato	Indicazioni per una Gestione Forestale Sostenibile sotto Cambiamenti Climatici
L'Alpe di Catenaia è un distretto forestale pubblico di proprietà della Regione Toscana, gestito dall'Unione dei Comuni Montani del Casentino. Il comprensorio forestale si estende su 2341 ha a quota compresa tra i 620 e i 1600 m s.l.m.; il suolo è classificato come Ultic Hapludalfs, argilloso fine, misto, mesico. Secondo la classificazione europea dei tipi forestali, il sito è classificato come "Apennine-Corsican mountainous beech forest" (EFT 7.3).	La foresta nel sito dimostrativo è un soprassuolo transitorio di faggio coetaneo gestito con il trattamento a tagli successivi uniformi, con alcuni nuclei di <i>Abies alba</i> Mill. (40 anni) di origine naturale. Il numero di alberi (DBH>2,5 cm) è di 900-1200 alberi/ha, la provvigione è di 300-400 m ³ /ha, il diametro medio è di 24 cm, l'altezza media è di 18 m e l'altezza dominante è di 25 m. Il taglio operato per l'abete bianco è il taglio a scelta colturale.	Punteggio finale 10: il bosco analizzato è in eccellente stato sia in termini di biodiversità che di complessità della struttura forestale Nessun intervento richiesto
Indicatori di struttura forestale	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale orizzontale e verticale
Deviazione standard (SD) dei diametri a petto d'uomo (DBH)	Score 1 (DBH SD < 5) X Score 2 (5 ≥ DBH SD ≤ 15) Score 3 (DBH SD > 15)	Score 1 (Struttura forestale semplificata senza rinnovazione) - da 4 a 6 Score 2 (Struttura forestale semplificata con rinnovazione o struttura forestale complessa senza rinnovazione) - da 7 a 8 X Score 3 (Struttura forestale complessa con rinnovazione) - da 9 a 11 Score 4 (Struttura complessa con rinnovazione in tutta l'area) - da 12 a 13
% di piante nello strato di rinnovazione (con DBH compreso tra 2,5 e 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) X Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) Score 4 (% Rinn ≥ 50)	
Curva di distribuzione in classi di diametro	Score 1 (Uni-modale) Score 2 (Bi modale) X Score 3 (J rovesciata)	
Struttura verticale (distribuzione in altezza degli alberi)	Score 1 (Mono-stratificato) Score 2 (Bi-stratificato) X Score 3 (Multi-stratificato)	
9. Punteggio indicatori di struttura forestale		
Indicatori di biodiversità	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale
Indicatori legno morto		
Presenza di legno morto in piedi	Score 1 (assenza di legno morto in piedi) X Score 2 (presenza di legno morto in piedi)	Score 1 (Assenza di legno morto) - 1 X Score 2 (Presenza di legno morto in piedi e assenza di detriti) - 3
Detriti legnosi grossolani	X Score 1 (assenza di detriti legnosi) Score 2 (presenza di detriti legnosi)	Score 3 (Presenza di legno morto in piedi e presenza di detriti) - 4
Indicatori di diversità di specie		
Presenza/assenza di altre specie	Score 1 (assenza di altre specie) X Score 2 (presenza di altre specie)	Score 1 (Sito monospecifico) - 2 Score 2 (Specie sporadiche con poca o assente rinnovazione) - 3
% di rinnovazione di altre specie oltre la specie target (diametro da 2,5 a 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) X Score 4 (% Rinn ≥ 50)	X Score 3 (Specie sporadiche con presenza di rinnovazione) - da 4 a 6
Indicatori di microhabitat arborei		
% di alberi con cavità	X Score 1 (% piante < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 50) Score 3 (% Rinn ≥ 50)	X Score 1 (Assenza o basso numero di microhabitat) - 1 Score 2 (Presenza di microhabitat) - 2 Score 3 (Alto numero di microhabitat presenti) - 3
10. Punteggio indicatori di struttura forestale		
10. Punteggio complessivo		

Figura 2.6.3. Modulo di valutazione del Sito 07 - Tre Termini.

2.7 Raccomandazioni per una Gestione Forestale Sostenibile

Andrej Breznikar¹, Davide Travaglini²

¹ Slovenia Forest Service (SFS), Slovenia

² Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli studi di Firenze (UNIFI), Italia

Panoramica dei sistemi selvicolturali

Le pratiche selvicolturali utilizzate per i popolamenti di *A. alba* nell'area del Mediterraneo sono diversificate, e includono tagli successivi uniformi e a gruppi, e sistemi di taglio a scelta colturale. Nelle aree dove l'abete bianco è stato piantato, come nell'Appennino, il sistema tradizionale utilizzato è il taglio raso con rinnovazione artificiale posticipata. Tuttavia, prevalgono pratiche di gestione forestale di intensità moderata. La rinnovazione avviene spesso in modo naturale, con diradamenti a carattere selettivo e tagli di rinnovazione condotti su superfici ridotte, generalmente inferiori a 1 ha. I sistemi selvicolturali più adatti per l'abete bianco sono il taglio a scelta colturale, che prevede la scelta di singoli alberi, e il sistema a tagli successivi a gruppi, con selezione di gruppi di alberi su piccole superfici. In tali condizioni, l'abete bianco può competere con il faggio, l'abete rosso, l'acero e altre specie arboree in popolamenti misti (ZGS, 2021).

In un sistema di taglio a scelta con interventi ripetuti ogni 5-15 anni, si creano condizioni ottimali strutturali e provvigionali, che favoriscono la rinnovazione degli abeti. In queste foreste, la quantità di legname tagliato è generalmente equivalente all'incremento di legno (Wolf *et al.*, 2010). Al contrario, in un sistema a tagli successivi a gruppi, è necessario un periodo di rinnovazione più lungo, superiore a 30 anni, per garantire il successo della rinnovazione dell'abete. Questo implica che, per promuovere la crescita degli abeti, la rinnovazione e la regolazione delle condizioni di luce devono avvenire in modo graduale e a lungo termine, rimuovendo progressivamente gli alberi in sovrannumero. Quando gli obiettivi sono diversi, la rinnovazione può avvenire in tempi più brevi e su superfici più ampie. Questo metodo richiede una pianificazione forestale attenta e differenziata, con interventi continui e la rinnovazione spazialmente limitata, particolarmente importante anche nei sistemi a tagli successivi a gruppi.

Da questo punto di vista, una gestione che punta all'uso intensivo del popolamento e alla rinnovazione su ampie superfici non è adatta per i popolamenti di abete. Tuttavia, è possibile favorire la rinnovazione dell'abete salvaguardando la pre-rinnovazione, anche di altre specie come il faggio (Wolf *et al.*, 2010).

A causa delle significative differenze nella crescita degli abeti, così come nell'ecologia della rinnovazione, le linee guida riguardanti la selvicoltura, i cicli di taglio e le dimensioni *target* devono essere adattate al tipo di foresta, al sito e alle condizioni del popolamento. Ma, rispetto ai popolamenti di faggio, a causa della dinamica di crescita, l'età di produzione e le dimensioni *target* nei popolamenti di abete bianco sono generalmente superiori (ZGS, 2021).

Nel progetto LIFE SySTEMiC sono stati studiati 4 principali sistemi di gestione forestale: non gestiti, taglio a scelta colturale, tagli successivi a gruppi e tagli successivi uniformi, così come sono state studiate 4 tipi di foresta europea (EFT).



Figura 2.7.1. I sistemi selvicolturali basati sul taglio a scelta e sui tagli successivi a gruppi sono i più adatti per la gestione dei popolamenti di abete bianco.

Caratteristiche selvicolturali dell'abete bianco

La presenza dell'abete bianco nei popolamenti forestali è limitata dalle gelate tardive, dalla siccità, dal calore estivo e dal freddo invernale. Il principale vantaggio dell'abete bianco rispetto ad altre specie arboree forestali risiede nel suo fabbisogno di luce. È una specie tollerante l'ombra, ed è molto più efficace in condizioni di luce sfavorevoli rispetto ai suoi concorrenti. Le giovani piante dell'abete bianco possono sopravvivere per lunghi periodi all'ombra del soprassuolo adulto. L'abete è, d'altra parte, molto sensibile al calore e all'umidità, e appartiene alle specie con una valenza ecologica ristretta. Inoltre, l'abete bianco è molto suscettibile alle gelate tardive; i germogli laterali sono di solito danneggiati poiché vengono emessi precocemente in primavera (Prpić (ed.), 2001).

Le esigenze idriche dell'abete bianco sono piuttosto elevate ed è molto sensibile alla siccità, soprattutto nelle fasi giovanili. D'altra parte, in alcuni casi è stata osservata una sorprendente tolleranza alla siccità, specialmente nell'Europa centrale e meridionale (Carrer *et al.*, 2010). I suoli degli habitat dell'abete bianco sono molto diversi in tutte le loro caratteristiche. Cresce su calcare così come su rocce madri silicee (Prpić (ed.), 2001).

Minacce

A causa delle conseguenze negative del cambiamento climatico, l'abete bianco sarà probabilmente una delle specie arboree più minacciate, specialmente a causa delle esigenze climatiche particolari e delle difficoltà nella rinnovazione naturale e artificiale causate dalla brucatura della fauna selvatica. La percentuale di abete bianco nelle foreste e quindi il numero di popolazioni e/o la densità degli alberi è in diminuzione da diversi decenni. Le piccole popolazioni o quelle con alberi piantati in modo sparso sono soggette a deriva genetica e autoimpollinazione, con conseguente diminuzione della *fitness* e della loro diversità genetica (Wolf *et al.*, 2010). La riduzione della percentuale di abete è più rapida nei popolamenti misti di abete-faggio rispetto a quelli di abete bianco-abete rosso e nelle abetine pure, dove la rinnovazione spesso è più sicura, i danni da brucatura sono minori e la struttura delle classi di età promette una migliore conservazione dell'abete nelle foreste future. Le previsioni

riguardanti la riduzione della percentuale di abete nelle comunità forestali negli scenari futuri, che prevedono un aumento delle temperature e una diminuzione delle precipitazioni, sono preoccupanti, soprattutto in combinazione con le difficoltà nella rinnovazione (Wolf *et al.*, 2010).

Negli anni '70 e '80 è stato osservato un diffuso declino e persino una moria dell'abete bianco in Europa centrale, un fenomeno chiamato "*fir dieback*" (deperimento dell'abete). Vi erano diverse opinioni riguardo alle cause della mortalità dell'abete, ma l'idea prevalente era che la depressione della crescita dell'abete tra il 1970 e il 1990 fosse causata dall' SO_2 in una complessa interazione con fattori climatici e biotici (Abies, 2016).

Si ritiene che il cambiamento climatico abbia avuto un impatto negativo sulle prestazioni di crescita delle popolazioni autoctone di abete in Europa negli ultimi decenni. Le minacce dovute al cambiamento climatico consistono principalmente in un aumento della possibilità di impatti negativi di fattori abiotici e biotici (parassiti, malattie). È prevista anche una diminuzione della percentuale di abete a causa del marciume bianco (*Sclerotinia sclerotiorum* de Bary), come risultato dell'apertura improvvisa di una vasta area (tagli su larga scala dovuti a disastri naturali) e quindi di un rapido cambiamento del microclima. Vi è anche il pericolo di infestazione delle aree di rinnovazione con specie vegetali invasive alloctone, le proprietà del suolo cambieranno e si deterioreranno, l'impoverimento degli habitat aumenterà, la biodiversità diminuirà e la predazione delle giovani piante autoctone da parte della fauna selvatica erbivora aumenterà (ZGS, 2021).

Valutazione del potenziale di adattamento delle foreste di abete bianco al cambiamento climatico

Il potenziale di adattamento delle foreste di abete bianco dipende dal sito forestale, dalla struttura del popolamento e dalla composizione delle specie arboree. Grazie alla struttura "appropriata" delle foreste (così come descritto prima struttura derivante da tagli successivi a gruppi o taglio a scelta colturale), al margine forestale ben strutturato, alla presenza di diradamenti selettivi nei popolamenti, all'implementazione di diradamenti a medio termine, a un alto grado di conservazione della composizione arborea e a una rinnovazione naturale relativamente indisturbata, questo potenziale può essere molto elevato. Il potenziale di adattamento è fortemente ridotto dal basso livello di attuazione delle misure di cura nelle fasi di sviluppo più giovani, dalla struttura uniforme del popolamento, dall'alterazione della composizione delle specie arboree e dall'eccessiva brucatura da parte della fauna selvatica (ZGS, 2021).

Rinnovazione dei popolamenti di abete bianco

A causa dei lunghi periodi di rinnovazione nei popolamenti di abete, è necessario iniziare il processo di rinnovazione prima rispetto alle specie arboree con periodi di rinnovazione più brevi. Le grandi differenze nella crescita di alberi delle stesse dimensioni evidenziano la necessità di decidere i tagli a livello di singoli alberi (ZGS, 2021).

Il ripristino dei popolamenti dovrebbe avvenire su piccole aree di rinnovazione, poiché ciò favorisce la rinnovazione delle specie arboree chiave. Anche le esigenze per le misure di cura delle giovani piante si riducono con un approccio su piccola scala. La dimensione delle aperture regola la composizione in giovani piante: intensità inferiori favoriscono una maggiore presenza di abete, mentre l'abete rosso richiede più luce e ancora di più le latifoglie, a eccezione del faggio, che è una specie tollerante l'ombra. Nelle aree più secche, ha senso aprire aree più ampie per garantire il ripristino di specie più tolleranti alla siccità, come il pino e il larice, che possono sostituire l'abete bianco e il faggio. Contestualmente ai tagli di rinnovazione, è necessario rimuovere gli alberi non vitali nel sottobosco e gli arbusti.

Problemi di rinnovazione possono verificarsi con il ripristino su larga scala dopo disastri naturali. In questi casi, è necessario intensificare la preparazione del popolamento per la rinnovazione naturale e, in alcuni casi, intervenire con la rinnovazione artificiale attraverso piantagione. La piantagione viene utilizzata anche dove non è possibile garantire naturalmente una proporzione adeguata di latifoglie.

Nei siti forestali non carbonatici, dove l'abete bianco è la specie dominante, non ci sono problemi di rinnovazione. Qui, preserviamo semplicemente la sua quantità naturale nella composizione arborea. Nei siti carbonatici, ad esempio sull'altopiano carsico in Slovenia, nelle foreste di abete-faggio, il faggio sta nuovamente aumentando la sua percentuale nella struttura arborea antropogenicamente modificata nella successione ciclica. Qui, tra tutte le specie arboree, l'abete bianco è il più minacciato dalla brucatura della fauna selvatica erbivora. Nelle condizioni di luce in cui l'abete compete con altre specie, cresce relativamente lentamente e quindi è esposto alla brucatura per un periodo più lungo. In tali condizioni, senza un'attenzione particolare all'abete, non possiamo aspettarci un ulteriore aumento della sua percentuale, che è in costante diminuzione negli ultimi decenni. In questi siti, indirizziamo lo sviluppo della foresta attraverso la rinnovazione naturale, dove gli abeti si rinnovano con successo in aree recintate e/o tramite piantagioni di abeti. Sono importanti anche le protezioni individuali delle piantine contro la brucatura (ZGS, 2021).



Figura 2.7.2. In alcune aree, la protezione contro la brucatura da ungulati è essenziale per la rinnovazione dell'abete bianco.

Cura e protezione dei popolamenti di abete bianco

Le misure di cura e protezione più adeguate sono sintetizzate nelle linee guida della Gestione Forestale Sostenibile in Slovenia (ZGS, 2021) e nei risultati del progetto LIFE SySTEMiC. La misura di cura più comune nelle foreste giovani è la rimozione graduale di arbusti e vegetazione invasiva, regolando al contempo la composizione delle specie arboree *target* nei popolamenti forestali. Nelle foreste

gestite con taglio a scelta colturale, le azioni si focalizzano su piccoli gruppi di giovani piante. Queste pratiche contribuiscono a creare una struttura verticale e orizzontale diversificata, migliorando la stabilità delle foreste contro le influenze abiotiche dannose (vento, gelo, sole e neve).

È importante ridurre il periodo di produzione nei popolamenti di abete bianco (tagliando l'albero quando la sua crescita inizia a diminuire, cioè tra gli 80 e i 100 anni). I siti produttivi di abete bianco richiedono diradamenti più intensivi, soprattutto negli stadi di sviluppo più giovani (tra il 20 e il 25%). Il diradamento deve essere precoce e mirato a regolare la composizione delle specie arboree e a rafforzare la stabilità dei popolamenti. Durante i diradamenti occorre prestare particolare attenzione per garantire la stabilità dei popolamenti e preservare gli alberi di specie decidue nelle zone più asciutte della foresta. Nei popolamenti di media età, l'intensità del diradamento dovrebbe variare tra il 15 e il 20%.

Nelle foreste gestite a taglio a scelta colturale, i tagli dovrebbero essere mirati a mantenere la struttura della foresta. Nei popolamenti adulti, l'intensità dei diradamenti dovrebbe essere inferiore (tra il 10 e il 15% del volume in piedi) e non dovrebbe creare grandi aperture.

Una sufficiente proporzione di abete bianco nelle foreste future è garantita soprattutto dal controllo delle condizioni di luce al suolo. La composizione delle specie arboree principali dovrebbe essere a gruppi, mentre l'aggiunta di latifoglie dovrebbe essere individuale o a gruppi. Oltre alle specie arboree principali, è importante anche lo strato di sottobosco.

Una misura importante è la trasformazione dei popolamenti monostrutturati in popolamenti multi-stratificati mediante diradamenti selettivi. La trasformazione si effettua nei popolamenti costituiti da specie arboree non adattate al sito forestale (ad esempio, piantagioni di abete rosso), specialmente quando la vitalità e lo stato di salute del popolamento peggiora al punto da compromettere la gestione forestale.

Questi popolamenti indeboliti e non vitali devono essere diradati per garantire un maggiore afflusso di luce, favorendo la formazione naturale di uno strato di sottobosco costituito da specie arboree e arbustive che miglioreranno le proprietà del suolo. Questo garantirà che i popolamenti si sviluppino verso il potenziale di vegetazione attraverso un processo di successione progressiva. Durante la trasformazione, si presta particolare attenzione alle specie arboree minoritarie con capacità miglioratrici, che indirettamente migliorano ed aumentano la produzione forestale. Particolarmente importanti sono le specie arboree che combinano la funzione miglioratrice con un valore economico (faggio, acero montano, olmo montano, frassino maggiore, tiglio, carpino, ciliegio selvatico, pero selvatico, larice, castagno, ontano nero, pioppo tremolo, ecc.).

Una struttura bilanciata nei popolamenti gestiti con taglio a scelta è molto più resistente ai fattori abiotici negativi rispetto a una struttura uniforme. Per questo motivo, è sensato trasformare i popolamenti uniformi in popolamenti di selezione mediante diradamenti a taglio a scelta. La trasformazione tramite tagli a scelta dovrebbe iniziare il prima possibile, liberando le chiome degli alberi selezionati e creando un *network* di alberi che supportano la stabilità del popolamento.

Le misure di protezione forestale nei popolamenti di abete bianco consistono principalmente nella protezione dalla brucatura da parte della fauna selvatica, usando repellenti o protezioni individuali. La protezione con recinzioni è utilizzata soprattutto nelle aree con alta concentrazione di fauna selvatica. I tagli fitosanitari dovrebbero essere regolari e tempestivi: tutti gli alberi gravemente attaccati da parassiti e malattie (come vischio bianco, danni da gelo e cancro dell'abete) dovrebbero essere rimossi. Nei popolamenti trattati con taglio a scelta, è importante mantenere una distribuzione equilibrata degli alberi per classi di diametro, prevenendo così la perdita di abete bianco per disseccamento nei popolamenti con una porzione eccessiva di alberi con grandi dimensioni di diametro (classi di diametro superiore a 50 cm).

Adattamento dei popolamenti di abete bianco ai cambiamenti climatici

Tra le misure più importanti che possono contribuire alla conservazione dell'abete bianco in un ambiente climaticamente instabile, ci sono:

- Diradamenti selettivi, che possono favorire l'emergere dell'abete bianco nei popolamenti coetanei
- Misure di cura nei popolamenti più giovani, in cui è possibile aumentare il numero di abeti bianchi regolando la composizione di specie e successivamente effettuando una selezione positiva
- Piantagione di abete bianco sotto la copertura arborea (ad esempio, in colture di abete rosso)
- Mantenimento di aperture all'interno delle foreste, mantenimento di un margine forestale strutturato e di una sufficiente proporzione di alberi da seme.

La variabilità genetica dell'abete bianco è uno dei fattori più importanti nella sua risposta ai cambiamenti climatici (Oggioni, 2024) poiché le caratteristiche di adattabilità e crescita degli alberi possono variare a seconda della loro origine. La Gestione Forestale Sostenibile dei popolamenti di abete bianco dovrebbe quindi supportare il loro processo di migrazione naturale e adattamento attraverso la migrazione assistita, piantando provenienze selezionate miste nei luoghi più favorevoli per il futuro.



Figura 2.7.3. Rinnovazione di abete bianco nei popolamenti trattati con taglio a scelta (foto: SFS).



3. GESTIONE FORESTALE SOSTENIBILE PER *FAGUS SYLVATICA* L.

3.1 Introduction

Hojka Kraigher¹, Marjana Westergren¹, Kristina Sever², Miran Lanščak³

¹ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

² Slovenia Forest Service (SFS), Slovenia

³ Croatian Forest Research Institute, Croatia

Il faggio (*Fagus sylvatica* L.) è una specie monoica anemofila, con un ciclo di vita di 300 anni e raggiunge un'altezza di 40 (60) m. È una specie che forma boschi puri o misti in tutta Europa (Figura 3.1.1). Nel sud-est Europa, può incrociarsi con *Fagus orientalis* Lipsky. Cresce su una vasta gamma di suoli, eccetto quelli compatti e idromorfici, e preferisce climi umidi. Poiché è suscettibile alle alte temperature, alle siccità estive e alle gelate tardive, la sua distribuzione è limitata all'area del Mediterraneo e nelle parti continentali dell'Europa occidentale e settentrionale (Westergren *et al.*, 2020).

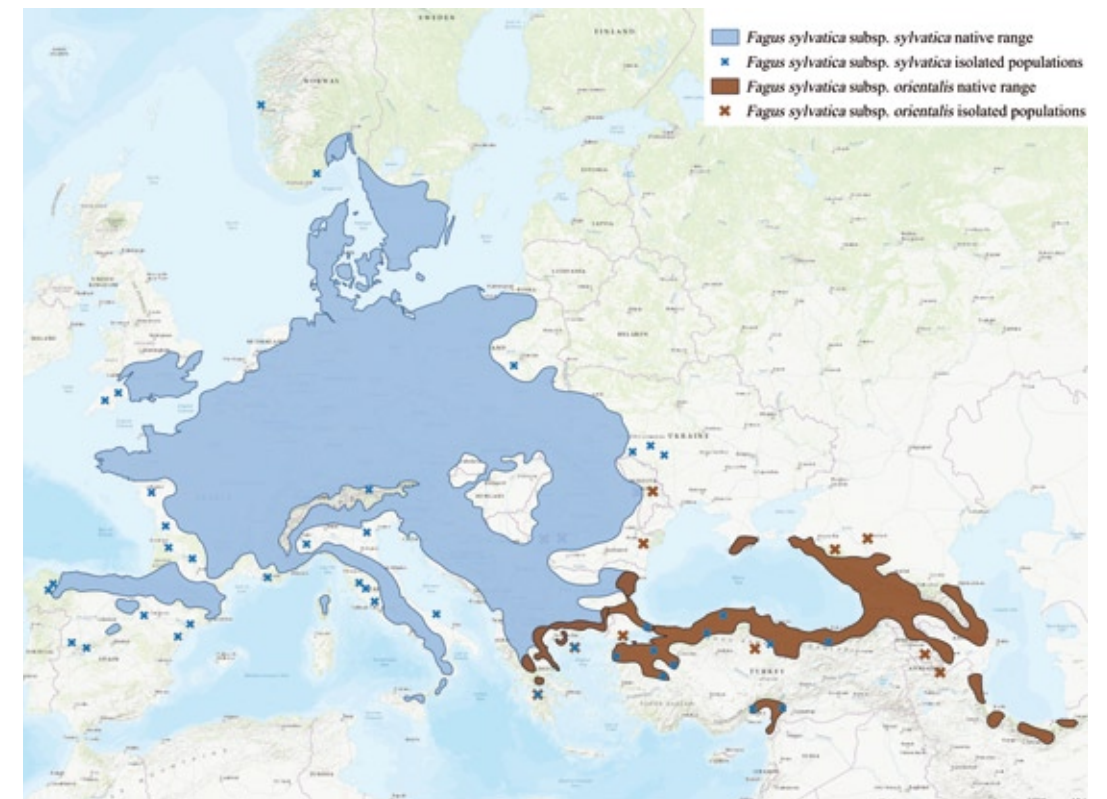


Figura 3.1.1. Areale di distribuzione del faggio (www.euforgen.org) da Caudullo G., CC BY 4.0 <<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>>, via Wikimedia Commons.

Il faggio raggiunge la sua fase riproduttiva tra i 50 e i 60 anni di età. I fiori maschili (amenti) e femminili sono presenti sui medesimi rami e gemme. La fioritura segue immediatamente l'apertura delle gemme poiché avviene tra aprile e maggio. Le faggiole maturano da settembre ad ottobre. Le faggiole mature di colore marrone cadono dagli alberi entro la fine di novembre. Un anno di abbondante produzione di faggiole, noto come "anno di pasciona", si verifica normalmente ogni 5-10 anni, anche se alcuni alberi possono fiorire ogni pochi anni.

Le faggiole fresche hanno un contenuto di acqua del 20-30%, la loro dormienza varia e la stratificazione fredda può durare da 4 a oltre 20 settimane. Ghiande con contenuto in acqua intorno all'8-9%, possono essere conservate da -10/-15°C per 5-6 anni. Il periodo aumenta con concentrazioni elevate di CO₂. In 1 kg di faggiole fresche (con umidità del 20-30%) ci possono essere dalle 3000 alle 6000 faggiole (1000 faggiole pesano approssimativamente 150-300 g). Le prime faggiole che cadono a settembre sono solitamente vuote a causa degli insetti (Kraigher, 2024; Regent, 1980; USDA 2008).

Westergren *et al.*, (2020) riportano che le gelate primaverili spesso danneggiano gli alberi giovani o i fiori precoci, che compaiono contemporaneamente alle foglie. La *Mikiola fagi* (Hartig), può uccidere la rinnovazione di faggio e ridurre la crescita degli alberi pesantemente attaccati. Il faggio è anche tra gli ospiti suscettibili di *Phytophthora ramorum* Werres, De Cock & Man, un fungo da quarantena. *Anoplophora chinensis* Forster, il coleottero dalle lunghe antenne degli agrumi, e *Anoplophora glabripennis* Motschulsky, il coleottero dalle lunghe antenne asiatico, entrambi originari dell'Asia, rappresentano una minaccia emergente per il faggio.

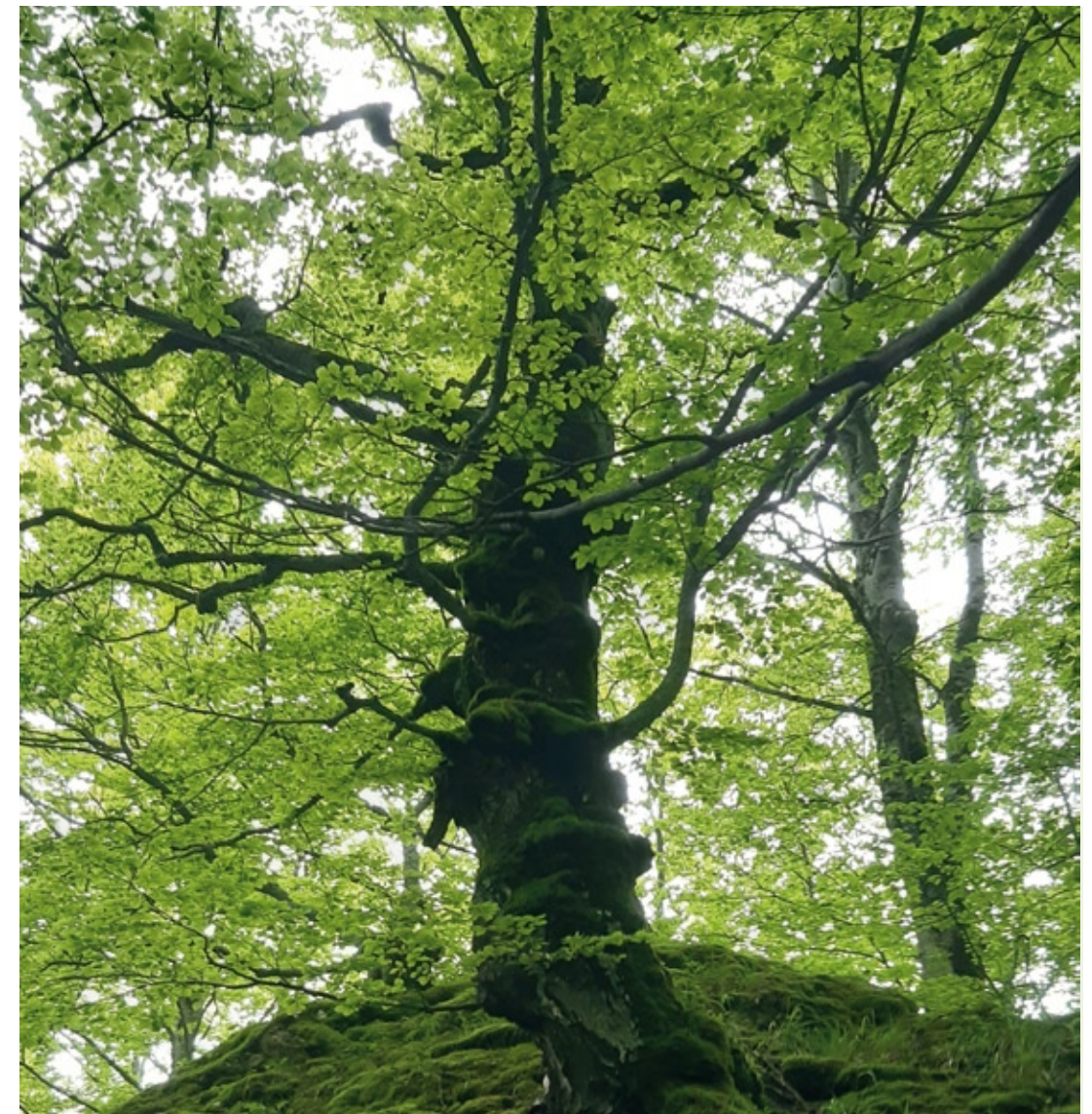
Il faggio è caratterizzato da una struttura genetica povera in tutto il continente europeo. Le popolazioni della penisola iberica e del sud-ovest della Francia, della penisola italiana e dei Balcani sud-orientali (potrebbero esserci altri pool genetici nella regione) appartengono ciascuna a diversi pool genetici, mentre il pool genetico dell'Europa centrale si mescola con quello balcanico e si espande verso il nord dell'areale (Demesure *et al.*, 1996; Magri *et al.*, 2006; GenTree, 2021; Höhn *et al.*, 2021), con l'isolamento per distanza che gioca un ruolo importante nella differenziazione (Höhn *et al.*, 2021). La diversità genetica del faggio sembra essere più alta nei centri rifugio (GenTree, 2021). Complessivamente, le popolazioni al centro dell'areale sono più simili in termini di diversità e struttura (GenTree, 2021).

Tabella 3.1.1 Lista dei siti di *Fagus sylvatica* L. del progetto LIFE SySTEMiC.

Id	Nome del sito	Paese	Specie	EFT*	Struttura	Sistema selvicolturale
01	Pian degli Ontani	Italia	<i>F. sylvatica</i>	7.3	Coetanea	Tagli successivi uniformi
02	Bosco di Baldo	Italia	<i>F. sylvatica</i>	7.3	Disetanea	Taglio a scelta colturale
03	Pian dei Ciliegi	Italia	<i>F. sylvatica</i>	7.3	Coetanea	Tagli successivi uniformi
04	Caselle 1	Italia	<i>F. sylvatica</i>	7.3	Coetanea	Tagli successivi uniformi
05	Caselle 2	Italia	<i>F. sylvatica</i>	7.3	Coetanea	Tagli successivi uniformi
11	Fonte Novello	Italia	<i>F. sylvatica</i>	7.3	Disetanea/Vetusta	Non gestito
12	Venacquaro	Italia	<i>F. sylvatica</i>	7.3	Coetanea	Tagli successivi uniformi
14	Ogulin	Croazia	<i>F. sylvatica</i>	7.2	Coetanea	Tagli successivi uniformi

23	Osankarica	Slovenia	<i>F. sylvatica</i>	7.2	Coetanea	Tagli successivi a gruppi
24	Pri Studencu	Slovenia	<i>F. sylvatica</i>	6.6	Coetanea	Tagli successivi a gruppi
25	Rajhenavski Rog	Slovenia	<i>F. sylvatica</i>	7.4	Disetanea/Vetusta	Non gestito
29	Gorski kotar, Vrbovsko	Croatia	<i>F. sylvatica</i>	7.2	Disetanea	Taglio a scelta colturale

* EFT = European Forest Type: 6.6 Illyrian submountainous beech forest; 7.2 Central European mountainous beech forest; 7.3 Apennine-Corsican mountainous beech forest; 7.4 Illyrian mountainous beech forest.



3.2 Struttura forestale, legno morto e microhabitat arborei

Davide Travaglini¹, Cesare Garosi¹, Francesco Parisi^{2,3}, Natalija Dovč⁴, Kristina Sever⁵, Rok Damjanič⁴

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli studi di Firenze (UNIFI), Italia.

² Università del Molise, Dipartimento di Bioscienze e del Territorio, Italia

³ NBFC, National Biodiversity Future Center, Italia

⁴ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

⁵ Slovenia Forest Service (SFS), Slovenia

La struttura forestale, il legno morto e i microhabitat arborei sono stati censiti in 6 siti (Figura 3.2.1).

In ogni sito è stata individuata un'area permanente e rappresentativa della struttura e della gestione forestale. L'area di saggio ha una forma quadrata di lato uguale a 50 m (superficie di 2500 m²). Solo quando il numero di alberi della specie *target* (*Fagus sylvatica* L. con diametro a petto d'uomo > 2,5 cm) è inferiore a 30, è stata creata un'altra area nel sito, fino al raggiungimento del numero minimo di 30 individui. I protocolli dettagliati riguardanti l'analisi di campo e l'elaborazione dei dati sono disponibili sulla pagina web del LIFE SySTEMiC: <https://www.lifesystemic.eu/>.



Figura 3.2.1. Siti di *Fagus sylvatica* L.

Fagus sylvatica L. è la specie arborea più rappresentata (area basimetrica > 75%) nei Siti 01 - Pian degli Ontani, 02 - Bosco di Baldo, 03 - Pian dei Ciliegi, 05 - Caselle 2, 11 - Fonte Novello, 12 - Venacquaro, 14 - Ogulin, 23 - Osankarica, 24 - Pri Studencu; nei restanti siti, oltre *F. sylvatica* è spesso presente *Abies alba* Mill. (Siti 25 - Rajhenavski Rog e 29 - Gorski kotar, Vrbovsko), *Acer pseudoplatanus* L., *Tilia platyphyllos* Scop. e altre specie arboree secondarie (Sito 29 - Gorski kotar, Vrbovsko).

La distribuzione spaziale degli alberi nei siti è riportata nella Figura 3.2.2. La Figura 3.2.3 mostra la distribuzione del numero di alberi e delle classi di diametro in ciascun sito.

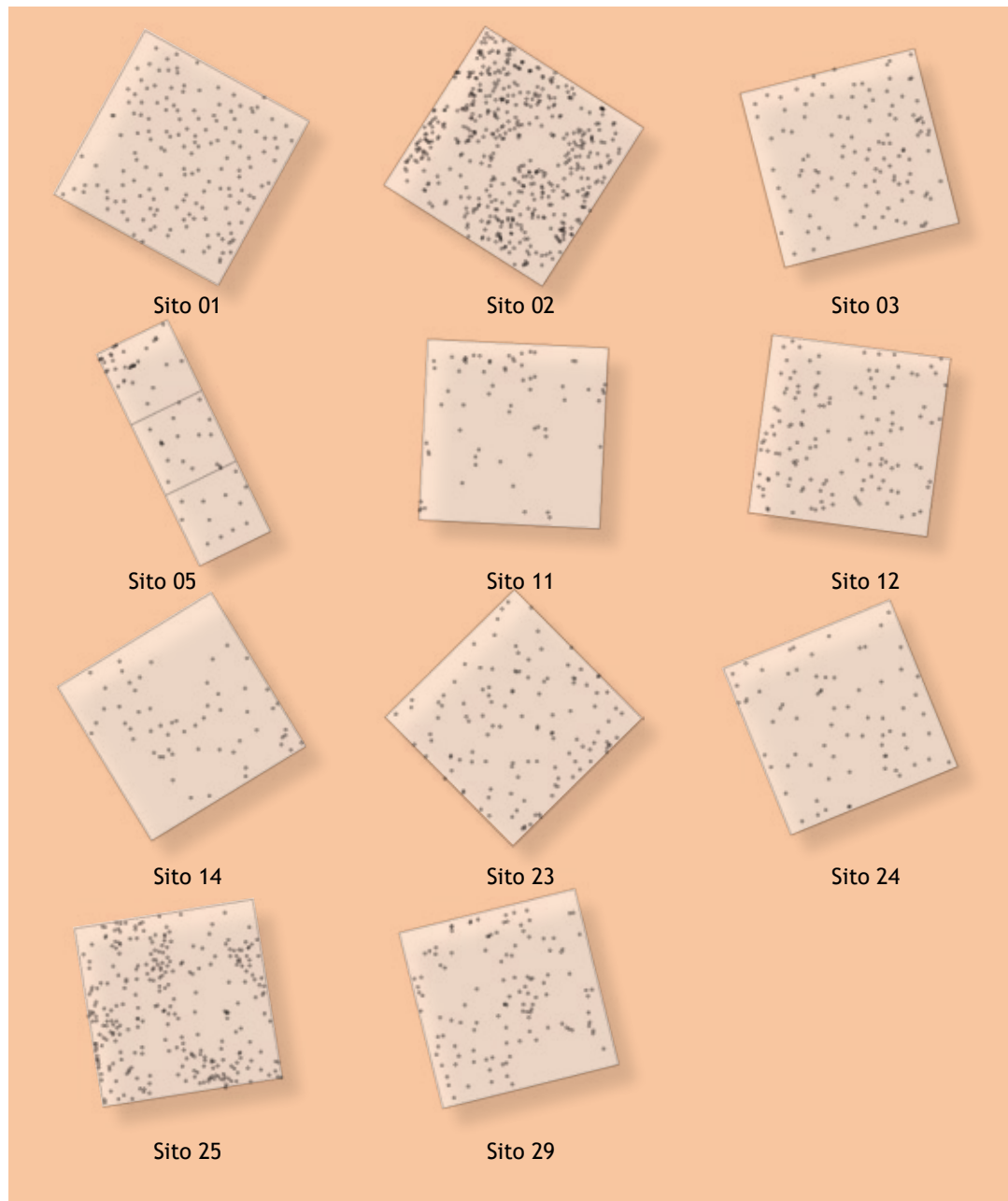


Figura 3.2.2. Distribuzione spaziale degli alberi nei siti.

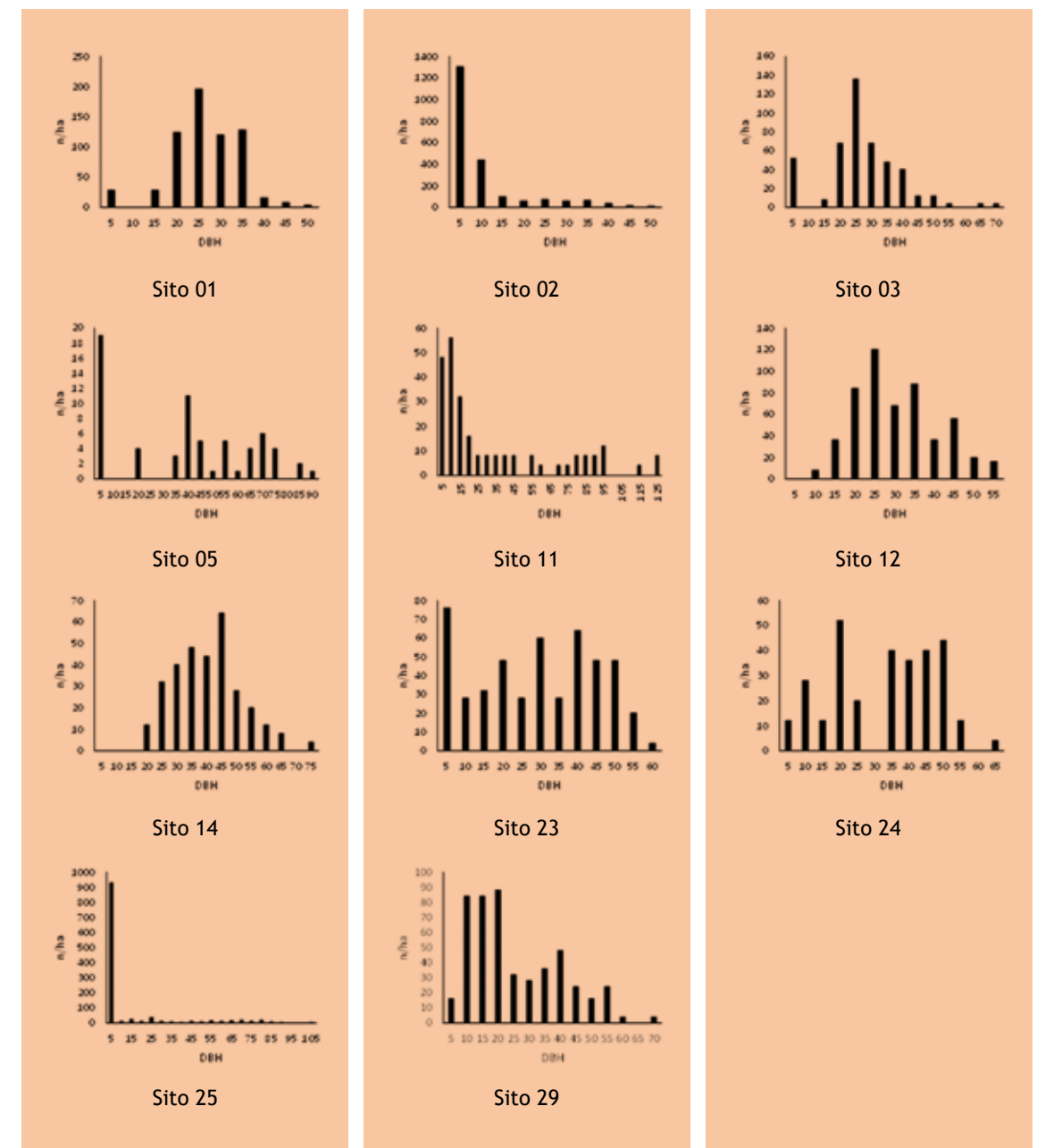


Figura 3.2.3. Distribuzione degli alberi in classi di diametro nei siti.

Nella tabella 3.2.1 sono riportate le variabili della struttura forestale. Nei soprassuoli di *F. sylvatica* L., l'area basimetrica oscilla tra 15 m²/ha e 55 m²/ha ed il volume varia tra 204 m³/ha e 987 m³/ha. Nei soprassuoli coetanei gestiti (Siti 01 - Pian degli Ontani, 03 - Pian dei Ciliegi, 05 - Caselle 2, 12 - Venacquaro, 14 - Ogulin, 23 - Osankarica, 24 - Pri Studencu), l'area basimetrica è di 35 m²/ha ed il volume è di 490 m³/ha (valori medi); nei soprassuoli disetanei gestiti (Siti 02 - Bosco di Baldo e 29 - Gorski kotar, Vrbovsko) l'area basimetrica è di 33 m²/ha ed il volume è di 354 m³/ha (valori medi). Nei soprassuoli non-gestiti/Foreste vetuste (Siti 11 - Fonte Novello, 25 - Rajhenavski Rog) abbiamo osservato una struttura disetanea, l'area basimetrica è di 52 m²/ha ed il volume è di 904 m³/ha (valori medi).

La diversità di struttura forestale, rappresentata dalla diversità in dimensione degli alberi (deviazione standard e coefficiente di variazione dei DBH e delle altezze), è alta nelle foreste vetuste (CVDBH = 135.7%, CVH = 82.6%), seguite dai soprassuoli disetanei (CVDBH = 76.0%, CVH = 54.5%) e da quelli coetanei (CVDBH = 44.6%, CVH = 31.8%).

Tabella 3.2.1. Variabili di struttura forestale nei siti. N= Numero di alberi; BA=Area basimetrica; V=Volume; QMD= Media quadratica dei diametri (diametro dell'area basimetrica media); MH= Altezza media (altezza dell'area basimetrica media); DH= altezza dominante (Altezza media dei 100 alberi/ Ha aventi i diametri più grandi, nel caso di soprassuoli coetanei, e altezza media degli alberi più alti per ettaro nel caso dei soprassuoli disetanei); SDDBH= deviazione standard dei diametri; SDH= deviazione standard delle altezze totali; CVDBH= coefficiente di variazione del DBH; CVH= coefficiente di variazione delle altezze totali.

Id	N	BA	V	QMD	MH	DH	SDDBH	SDH	CVDBH	CVH
	n/ha	m ² /ha	m ³ /ha	cm	m	m	cm	m	%	%
01	652	38.5	528.2	27.4	27.4	28.4	8.1	5.3	30.8	20.1
02	2164	32.6	363.4	13.9	16.2	30.8	9.5	6.9	94.9	65.7
03	456	31.3	340.5	29.6	21.3	22.8	12.3	5.7	45.6	29.6
05	88	15.2	204.4	46.9	25.1	25.6	26.9	10.1	69.7	51.9
11	260	48.0	820.7	48.5	29.6	44.6	34.5	11.3	100.6	55.3
12	532	43.6	639.9	32.3	28.6	31.9	10.3	5.5	33.6	20.4
14	312	42.3	694.3	41.5	30.0	31.6	11.6	3.9	29.0	13.3
23	484	41.2	534.9	32.9	26.3	31.6	16.1	10.7	56.2	50.0
24	300	31.5	489.0	36.5	33.0	37.4	15.7	10.8	47.5	37.4
25	1168	54.9	986.7	24.5	23.4	46.1	21.1	10.3	170.7	109.9
29	488	32.5	344.2	29.1	18.1	28.8	14.5	6.5	57.1	43.3

Nella Tabella 3.2.2 è riportata, per ogni sito, la quantità di legno morto. Nei popolamenti esaminati, il volume totale del legno morto variava tra 5 m³/ha e 420 m³/ha. Nei soprassuoli coetanei gestiti (Siti 01 - Pian degli Ontani, 03 - Pian dei Ciliegi, 05 - Caselle 2, 12 - Venacquaro, 14 - Ogulin, 23 - Osankarica, 24 - Pri Studencu), il volume totale di legno morto è di 8 m³/ha (valore medio), rappresentato per lo più da ceppaie (58%), altri pezzi di legno morto a terra (22%) arborei legno morto in piedi (20%); nei soprassuoli disetanei gestiti (Siti 02 - Bosco di Baldo, 29 - Gorski kotar, Vrbovsko) il volume totale di legno morto è di 17 m³/ha (valore medio), che è maggiormente rappresentato da ceppaie (51%) e legno morto in piedi (41%). Per le foreste vetuste/soprassuoli non gestiti (Siti 11 - Fonte Novello, 25 - Rajhenavski Rog) abbiamo osservato il più elevato volume di legno morto (329 m³/ha), rappresentato maggiormente da altri pezzi di legno morto a terra (58%), legno morto in piedi (16%), legno morto a terra (23%) e ceppaie (3%).

Tabella 3.2.2. Volume di legno morto nei siti.

Id	Legno morto in piedi (inclusi snags)	Legno morto a terra	Altre parti di legno morto a terra	Ceppaie	Totale
	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha
01	0.0	0.0	2.3	3.0	5.3
02	0.5	0.0	0.0	5.9	6.4
03	0.0	0.0	0.1	5.8	5.9
05	0.0	0.0	0.3	7.1	7.4
11	0.4	0.0	216.6	20.8	237.8
12	3.3	0.0	0.2	1.7	5.2
14	5.2	0.0	4.7	3.4	13.3
23	0.0	0.1	1.5	7.3	8.9
24	2.5	0.0	2.6	2.7	7.8
25	103.0	149.4	163.4	4.2	420.0
29	13.1	2.0	0.8	11.0	26.9

La frequenza dei microhabitat arborei in ciascun sito, rappresentata come percentuale di forme di microhabitat, è riportata nella Figura 3.2.4. Abbiamo osservato le cavità e le deformazioni della crescita come forme di microhabitat più abbondanti trovate nei Siti 01 - Pian degli Ontani, 03 - Pian dei Ciliegi, 05 - Caselle 2 e 12 - Venacquaro. La deformazione della crescita è stata rilevata come forma di microhabitat più abbondante anche nei Siti 23 - Osankarica e 24 - Pri Studencu. Legno morto, ferite e lesioni sono state trovate come forme di microhabitat maggiormente rappresentate nelle foreste vetuste (Sito 11 - Fonte Novello, 29 - Gorski kotar, Vrbovsko). Gli epifiti erano alquanto comuni nel Sito 25 - Rajhenavski Rog.

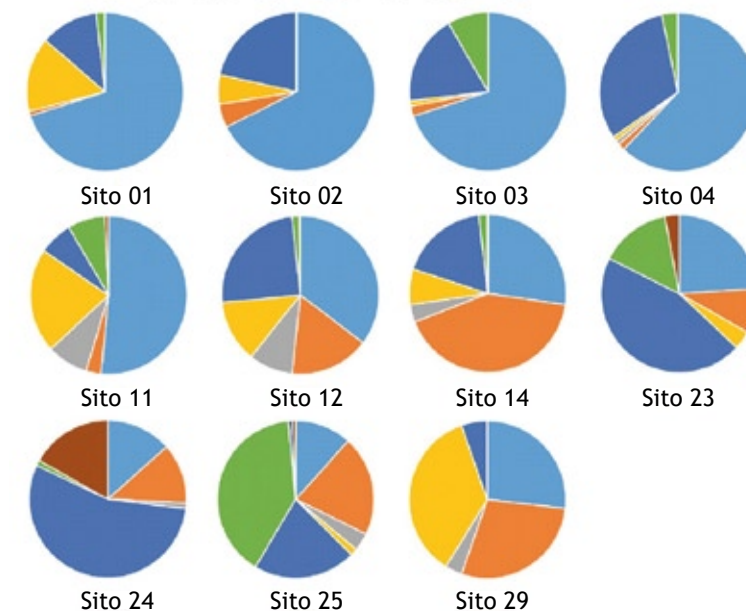


Figura 3.2.4. Microhabitat arborei nei siti (percentuale delle forme di microhabitat) (CV = Cavità; IN = Lesioni e ferite; BA = Corteccia; DE = Legno morto; GR = Deformazioni / forme di crescita; EP = Epifiti; NE = Nidi; OT = Altri).



Figura 3.2.5. Rinnovazione naturale di *Fagus sylvatica* L. nel Sito 02 - Bosco di Baldo.



Figura 3.2.6. Legno morto e microhabitat arborei presenti nel Sito 11 - Fonte Novello, foresta vetusta.

3.3 Landscape Genomics

Cesare Garosi¹, Cristina Vettori^{1,2}, Marko Bajc³, Donatella Paffetti¹

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli studi di Firenze (UNIFI), Italia.

² Istituto di Bioscienze e Biorisorse (IBBR), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Italia

³ Slovenian Forestry Institute, Slovenia

La variabilità genetica è cruciale per la *fitness* e la sopravvivenza degli individui all'interno di una popolazione ed è direttamente correlata con la capacità della specie di adattarsi a diversi ambienti (Balkenhol *et al.*, 2016). All'interno di ogni popolazione, i cambiamenti genetici, la plasticità e la capacità evolutiva risultanti dalla combinazione di processi casuali e selettivamente orientati, possono essere influenzati dalle pratiche forestali (Lefèvre *et al.*, 2014). Comprendere le dinamiche ed i meccanismi di adattamento locale nelle popolazioni naturali fornisce la base per prevedere le risposte ai mutamenti ambientali, inclusi quelli associati ai cambiamenti climatici. L'adattamento all'ambiente locale comporta la modifica delle frequenze alleliche delle varianti geniche che influenzano la *fitness* in particolari ambienti (Lefèvre *et al.*, 2014).

Cambiamenti nelle popolazioni marginali di *F. sylvatica* L. sono già stati osservati, e diversi studi di modellizzazione prevedono spostamenti nell'areale di questa specie, guidati dal riscaldamento globale. In questo contesto, la *Landscape Genomics* è emersa come un quadro analitico flessibile per comprendere le interazioni tra eterogeneità ambientale e variazione genetica adattativa nelle popolazioni naturali (Balkenhol *et al.*, 2016). In questo studio, abbiamo utilizzato approcci di *Landscape Genomics* per analizzare la diversità genetica neutrale e adattativa al fine di evidenziare possibili profili di adattamento locale nelle popolazioni analizzate. Pertanto, abbiamo osservato la possibile correlazione presente tra marcatori molecolari adattativi (SNP *Single Nucleotide Polymorphism*) ed indicatori bioclimatici. Inoltre, sono stati analizzati marcatori molecolari neutri (nSSR *nuclear Simple Sequence Repeats*) come misura della variabilità genetica neutrale e della struttura delle popolazioni studiate. Sono stati genotipizzati ed analizzati polimorfismi a singolo nucleotide (SNP), utilizzando un approccio di *target re-sequencing* di regioni genomiche candidate, al fine di misurare la variabilità genetica adattativa della popolazione studiata (Figura 3.3.1). Di conseguenza, come risultato del *target re-sequencing* in *F. sylvatica* sono stati genotipizzati circa 1400 SNP in 18 regioni *target* del genoma, rilevanti per la risposta a uno o più stress abiotici (risultati riportati nel *deliverable Action B1: SNP road-map of each study site*). Inoltre, abbiamo osservato la distribuzione di questi SNP ed abbiamo disegnato delle *road-maps* per ciascuna specie, al fine di osservarne la distribuzione spaziale tra tutte le popolazioni analizzate (Figura 3.3.1).

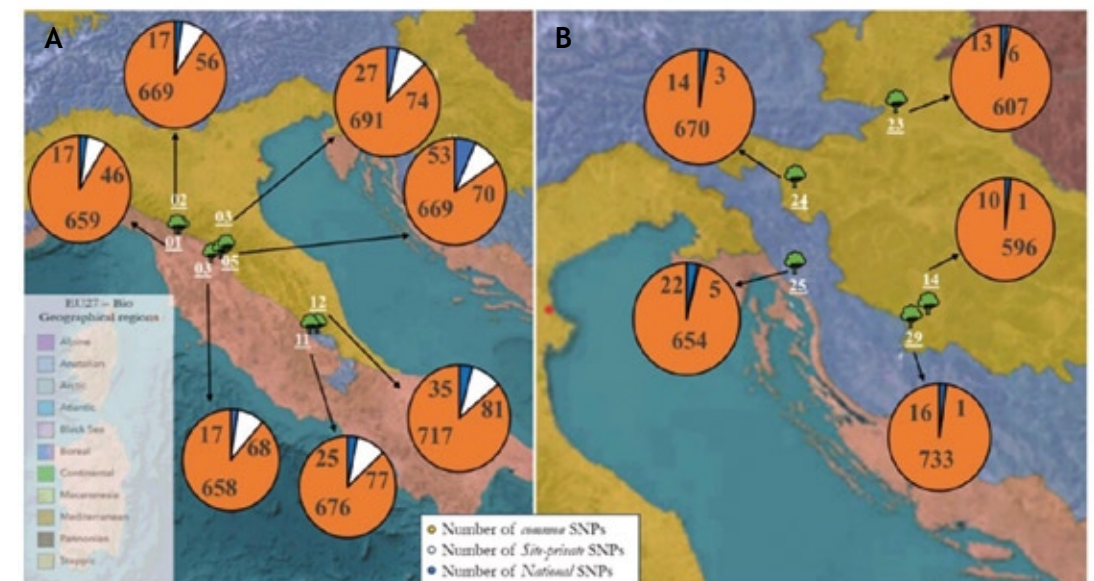


Figura 3.3.1. *Road-map* di *Fagus sylvatica* L. Distribuzione degli SNP nei siti del progetto LIFE SySTE-MiC in Italia (A), Croazia e Slovenia (B). La figura riporta il numero di specifici sub-set di SNP, osservati in ogni sito di studio. La legenda riporta il tipo di dato suddiviso per colore. I colori rappresentano i seguenti sub-set: SNP presenti nel sito che sono comuni ad almeno un altro sito (arancione); il numero di SNP sito-specifici (bianco) ed il numero di SNP presenti in quel sito, specifici per il paese (blu). Sotto ogni grafico viene riportato il numero identificativo del sito corrispondente (grassetto e sottolineato).

È possibile osservare un numero maggiore di SNP sito-specifici e regione-specifici per i siti situati in Italia (Figura 3.3.1). Questa prevalenza di SNP potrebbe essere interpretata come un “segno” di adattamento al regime bioclimatico mediterraneo che caratterizza la penisola italiana e che la differenzia dal clima più continentale presente in Slovenia e Croazia. Come riportato in bibliografia, l’analisi per individuare la presenza di un “segno” di adattamento all’ambiente locale nelle popolazioni naturali richiede molti passaggi analitici (Blanquart *et al.*, 2013). L’identificazione di loci aventi correlazioni significative con indicatori bioclimatici, ottenuta valutando le associazioni tra variabili climatiche e varianti alleliche utilizzando diversi modelli, risulta di vitale importanza. Per ogni sito sono stati selezionati 12 indicatori bioclimatici dalla letteratura esistente (Flint *et al.*, 2013; Gugger *et al.*, 2016, 2021; Pluess *et al.*, 2016). Per identificare i profili di adattamento locale delle specie *target*, abbiamo condotto un’analisi GEA (*Genotype-Environment Association*) a due livelli: analisi globale e analisi sito-specifica. L’analisi globale ci ha permesso di identificare possibili profili di adattamento alle condizioni bioclimatiche che caratterizzano l’areale del faggio. I risultati dell’analisi hanno mostrato l’esistenza di cinque diversi *cluster* presenti in Italia, Croazia e Slovenia. Inoltre, un dato ancora più interessante è la presenza di un’associazione tra 98 varianti alleliche e i valori medi dei 12 indicatori bioclimatici considerati per queste analisi (come riportato nel *deliverable Action B1: Production of maps of spatial distribution of genetic diversity and of correlation between allele distribution and environmental variation*). La presenza di queste associazioni potrebbe essere interpretata come il genotipo di adattamento di base del faggio diffuso nell’Europa centrale. Di particolare interesse è stata l’osservazione di alcune varianti alleliche specifiche di un sito, associate ad un particolare Paese (Italia, Croazia o Slovenia) e a siti specifici. La presenza di varianti alleliche associate a specifici siti potrebbe essere correlata ad un modello di adattamento locale piuttosto che regionale. Nell’analisi di associazioni ambientali (EAA *Environmental Analysis Associates*) è importante tenere conto della struttura genetica spaziale (Rellstab *et al.*, 2015), poiché la struttura genetica spaziale può produrre modelli simili a quelli previsti tenendo conto dei soli processi non neutrali (Excoffier e Ray, 2008; Excoffier *et al.*, 2009; Sillanpää, 2011). Per questo, la struttura genetica spaziale delle popolazioni è stata analizzata utilizzando due approcci distinti di *clustering* bayesiano con STRUCTURE (Pritchard *et al.*, 2000) e *clustering* bayesiano spaziale utilizzando il software GENELAND (Guillot 2008).

Abbiamo osservato un elevato numero di varianti alleliche specifiche nei siti non gestiti e nelle foreste vetuste (Figura 3.3.2). La presenza di un alto numero di SNP associati all’adattamento locale in questi siti potrebbe essere connessa con la struttura genetica neutrale osservata (Aravanopoulos, 2018; Paffetti *et al.*, 2012; Stiers *et al.*, 2018). Infatti, alcuni studi hanno osservato che siti, simili a quelli osservati qui, presentano una struttura genetica neutrale complessa, caratterizzata da un alto numero di *cluster* familiari. Questa grande variabilità può permettere una maggiore probabilità di apparizione di nuove varianti alleliche che potrebbero arricchire il potenziale adattativo di questa specie per i cambiamenti climatici attuali e futuri. Una situazione simile è stata osservata nei soprassuoli gestiti con tipi di gestione a basso impatto: taglio a scelta colturale. Ancora una volta, il numero di varianti alleliche specifiche per ciascun sito è elevato. Un risultato estremamente interessante è il numero di varianti alleliche associate all’adattamento locale trovate nel Sito 02 - Bosco di Baldo (Figura 3.3.3).

Questo sito presenta il numero più alto di SNP associati agli indicatori bioclimatici. Dati simili sono stati osservati in altri siti gestiti. Ancora una volta, il numero di varianti alleliche osservate potrebbe essere il risultato dell’influenza della gestione selvicolturale passata sulla demografia della popolazione. La creazione di gap nella copertura forestale e la complessità della struttura che caratterizza questi popolamenti potrebbero essere legata ad una maggiore probabilità di ricombinazione genetica tra genotipi appartenenti a *cluster* familiari differenti. Questi profili sono simili a quelli trovati nelle foreste vetuste e nei soprassuoli non gestiti. Pertanto, il potenziale della gestione selvicolturale a basso impatto nella conservazione della diversità genetica adattativa appare promettente. Questi dati sono ulteriormente supportati dall’analisi degli altri siti di faggio nello studio. Una scoperta intrigante è la presenza del numero più basso di varianti alleliche specifiche in certe aree di studio. Tutti questi siti condividono un sistema di gestione a tagli successivi uniformi (Figura 3.3.4).

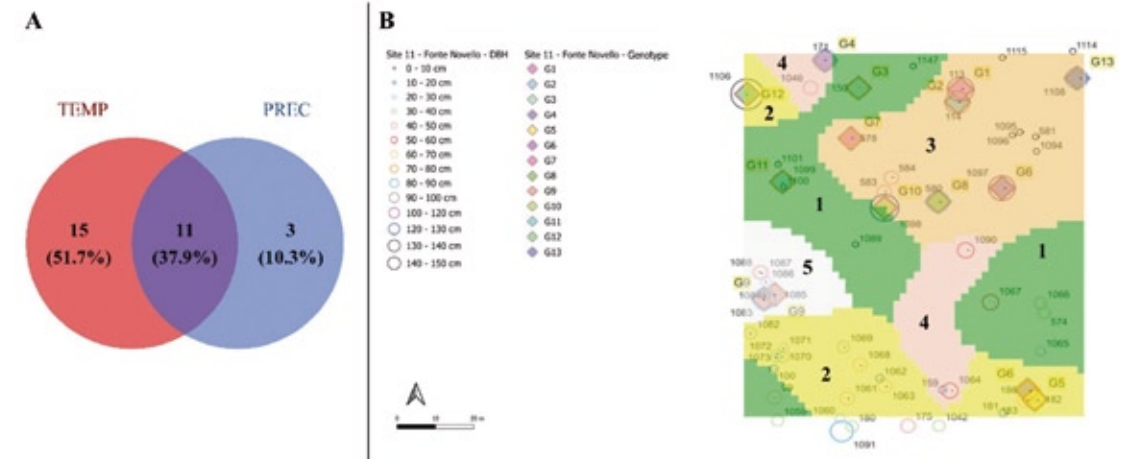


Figura 3.3.2. Risultati dell’analisi LFMM (*Latent Factor Mixed Models*) e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 11 - Fonte Novello. (A) Il diagramma di Venn mostra la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell’analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 5 *cluster* (risultati GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori uguali significano genotipi identici.

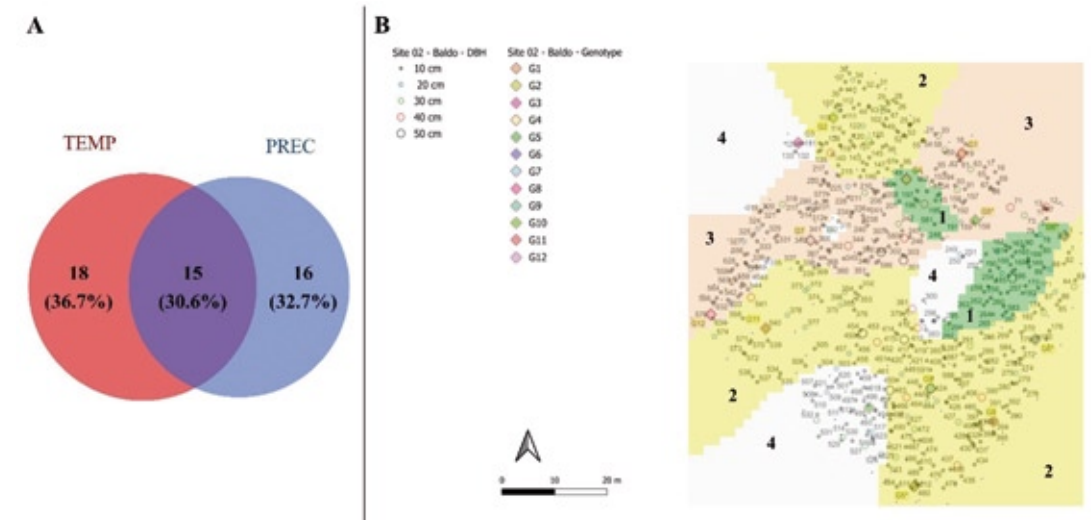


Figura 3.3.3. Risultati dell’analisi LFMM e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 02 - Bosco di Baldo. (A) Il diagramma di Venn mostra la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell’analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 4 *cluster* (risultati GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori uguali significano genotipi identici.

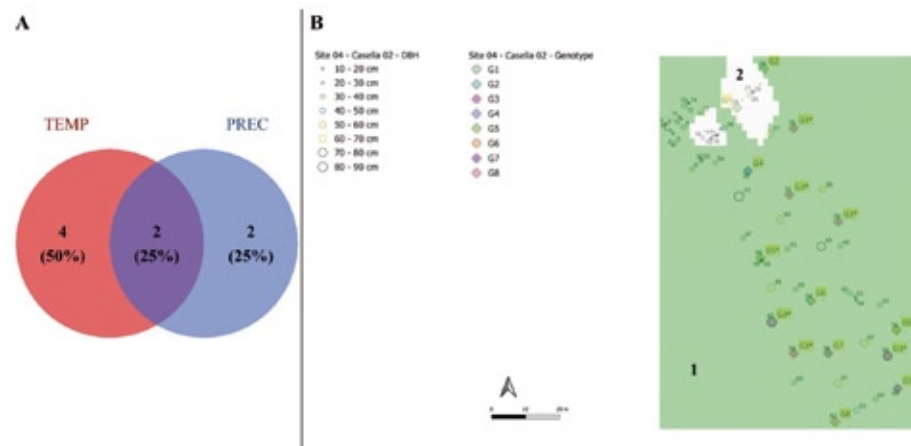


Figura 3.3.4. Risultati dell'analisi LFMM e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 05 - Caselle 2. (A) Il diagramma di Venn mostra la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell'analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 2 cluster (risultati GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori uguali significano genotipi identici.

Questo tipo di taglio è stato creato con lo scopo di promuovere la rinnovazione naturale. Tuttavia, studi precedenti (Aravanopoulos, 2018; Brang *et al.*, 2014; Paffetti *et al.*, 2012; Stiers *et al.*, 2018) hanno mostrato come la struttura genetica spaziale che caratterizza questo tipo di soprassuolo sia piuttosto semplice. La presenza di una struttura genetica spaziale semplice, infatti, potrebbe essere associata ad un tasso inferiore di ricombinazione genetica, riducendo così la possibilità di creare nuove varianti alleliche e favorendo l'*inbreeding*. Ciò può portare ad alti livelli di omozigosi e depressione da *inbreeding*. Tipi di gestione meno impattanti, come il taglio a scelta colturale, sembrano produrre popolazioni con un elevato numero di varianti alleliche associate alla risposta agli indicatori bioclimatici. Risultati simili sono stati osservati nei popolamenti non gestiti e nelle foreste vetuste. I risultati riportati in questo studio potrebbero essere prioritari nella pianificazione della gestione selvicolturale, dove la conoscenza della variabilità genetica da una prospettiva adattativa potrebbe aiutare i processi decisionali. Inoltre, questa conoscenza potrebbe essere utilizzata in previsione dei progetti di migrazione assistita. Questo è importante per preservare le attuali Risorse Genetiche Forestali (FGR), ma anche per arricchire il soprassuolo esistente con genotipi potenzialmente favorevoli.

3.4 Biodiversità del suolo

Tanja Mrak, Marko Bajc, Rok Damjanić, Natalija Dovč, Tine Grebenc, Tijana Martinović, Nataša Šibanc, Tina Unuk Nahberger, Hojka Kraigher

Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

Le punte delle radici ectomicorriziche supportano popolazioni specifiche e diverse di batteri e microfunghi, inclusi batteri che aiutano a stabilire simbiosi micorriziche. Le radici degli alberi ospitano anche endofiti settati scuri (*Dark septate endophyte* - DSE) e funghi decompositori del legno (Baldrian, 2017). Oltre ai miceli micorrizici e agli organismi associati, il suolo ospita funghi saprotrofi e batteri (Baldrian, 2017). L'alta biodiversità del suolo supporta la flessibilità funzionale per l'adattamento ai cambiamenti che potrebbero verificarsi in futuro.

Nelle foreste gestite, la quantità di carbonio fotosintetico allocato nel sottosuolo alle radici fini e ai

microrganismi associati alle radici diminuisce (Noormets *et al.*, 2015). Pertanto, sono previsti cambiamenti nella diversità alfa e beta del microbiota delle radici e del suolo con l'aumento dell'intensità della gestione. Il nostro obiettivo è raggiungere un'intensità della gestione forestale che supporti comunque un'alta biodiversità del suolo.

Nel progetto LIFE SySTEMiC, sono stati identificati funghi ectomicorrizici attivamente associati alle radici degli alberi utilizzando metodi classici, inclusa la caratterizzazione morfo-anatomica e il sequenziamento di Sanger. La diversità e la composizione del microbiota della rizosfera e del suolo sono state analizzate con il sequenziamento di ampliconi (NGS *Next Generation Sequencing*).

Il microbioma del suolo è stato studiato in nove siti di faggio (Tabella 3.4.1) aventi approcci selvicolturali diversi (vedi Tabella 3.1.1) nel 2021. I campioni sono stati raccolti in ottobre e novembre. In due di questi siti (Sito 02 - Bosco di Baldo e Sito 03 - Pian dei Ciliegi), è stata effettuata un'ulteriore campionatura a novembre 2020 prima del taglio degli alberi selezionati. La posizione degli alberi tagliati rispetto agli alberi campionati per il microbioma del suolo è presentata nella Figura 3.4.1.

Tabella 3.4.1. Elenco dei siti di faggio dove è stato effettuato il campionamento per ectomicorrizze e microbioma del suolo.

Id	Nome del sito	Substrato
02	Bosco di Baldo	silicatico
03	Pian dei Ciliegi	silicatico
11	Fonte Novello	calcareo
12	Venacquaro	calcareo
14	Ogulin	calcareo
23	Osankarica	silicatico
24	Pri Studencu	calcareo
25	Rajhenavski Rog	calcareo
29	Gorski kotar, Vrbovsko	calcareo

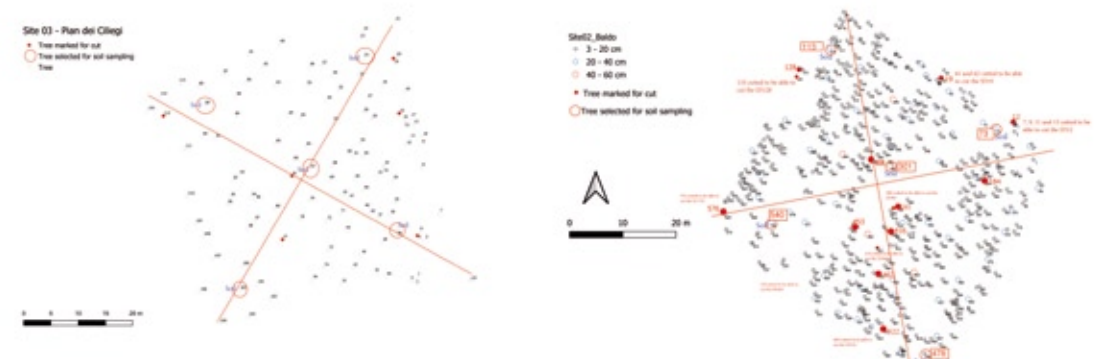


Figura 3.4.1. Posizione degli alberi tagliati in relazione ai punti di campionamento della biodiversità del suolo nei Siti 02 - Bosco di Baldo e 03 - Pian dei Ciliegi.

Il campionamento è stato effettuato in quattro punti (N, S, E, O) a una distanza di un metro intorno a ciascuno dei 5 alberi selezionati per ogni area (per una descrizione dettagliata vedi il sito del progetto <https://www.lifesystemic.eu>). In ciascuno dei quattro punti, i campioni sono stati raccolti separatamente per le analisi dell'ectomicorriza attiva (EcM), il sequenziamento NGS e le analisi fisico-chimiche del suolo. La preparazione dei campioni e le analisi hanno seguito i protocolli disponibili sulla pagina web LIFE SySTEMiC: <https://www.lifesystemic.eu/>. I dati sono stati normalizzati per entrambi gli approcci al fine di eliminare l'effetto delle diverse dimensioni dei campioni o delle profondità di sequenziamento.

3.4.1 Analisi della biodiversità del suolo nei siti di taglio

Basandosi sui risultati del sequenziamento, il taglio ha mostrato un debole effetto nel breve termine sulla ricchezza degli OTU (*Operational Taxonomic Unit*), sull'indice di diversità di Shannon e sull'Evenness index, sia per tutti i funghi sia per il sottoinsieme dei funghi ectomicorrizici.

Tuttavia, per quanto riguarda gli EcM attivi, la ricchezza tassonomica (morfotipo) e l'indice di diversità di Shannon sono diminuiti significativamente dopo il taglio, mentre l'Evenness index non ha mostrato cambiamenti significativi (Figura 3.4.1.1).

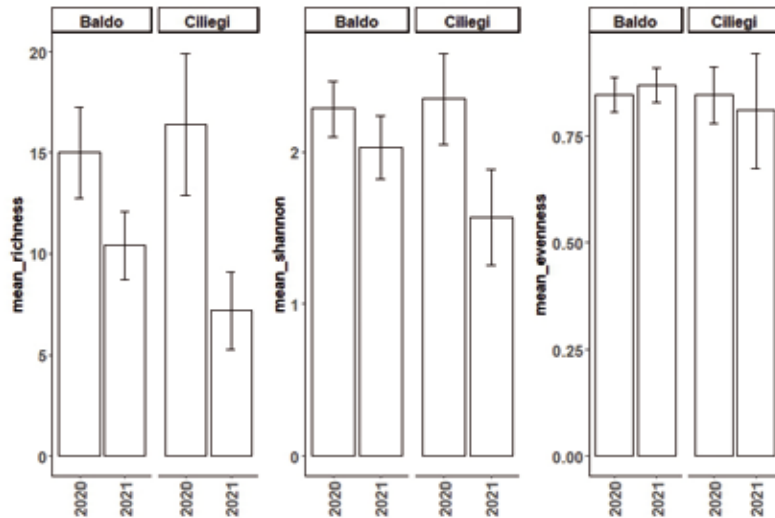


Figura 3.4.1.1. Valori di pre- (2020) e post-taglio (2021) per la diversità alpha (valori medi di ricchezza dei taxa, diversità di Shannon e Pielou's evenness) dei funghi ectomicorrizici attivi.

Dopo il taglio, la comunità fungina totale (Figura 3.4.1.2) era significativamente diversa rispetto all'anno precedente, lo stesso vale per il sottoinsieme di funghi EcM e per gli EcM attivi. Anche l'effetto del sito è stato significativo.

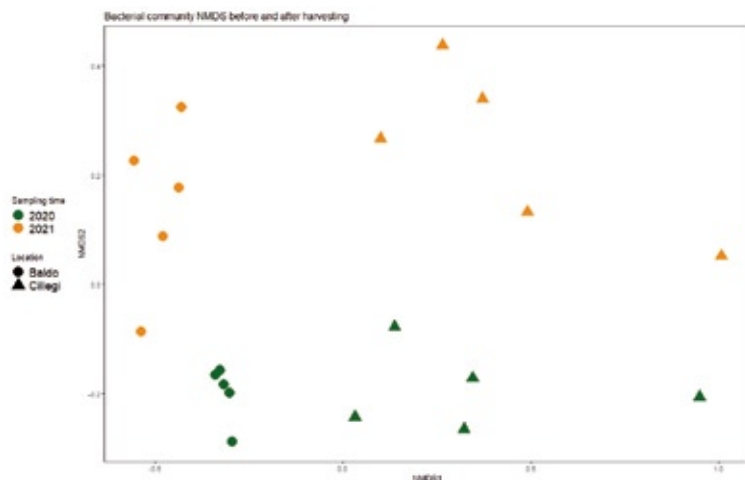


Figura 3.4.1.2. Risultati dell'analisi N-MDS (*Non-metric MultiDimensional Scaling*) basata sulla distanza di Bray-Curtis, confrontando le comunità fungine totali prima e dopo i tagli in due siti (Sito 02 - Bosco di Baldo e Sito 03 - Pian dei Ciliegi).

Dopo il taglio, l'abbondanza relativa degli OTU di EcM è diminuita in entrambe le aree a causa della perdita di partner EcM e della riduzione del flusso di carbonio nel suolo, mentre l'abbondanza relativa dei saprotrofi è aumentata a causa dell'incremento di necromassa. Tra gli OTU ectomicorrizici, l'abbondanza relativa degli OTU di *Russula* è diminuita nel 2021 rispetto al 2020 (prima della raccolta), mentre l'abbondanza relativa degli OTU di *Cortinarius* è aumentata in entrambi i siti.

3.4.2 Effetti della selvicoltura a lungo termine sulla biodiversità del suolo

I livelli più alti di ricchezza di OTU per l'intera comunità fungina (Fig. 3.4.2.1) sono stati rilevati nei siti non gestiti Sito 11 - Fonte Novello e Sito 25 - Rajhenavski Rog, insieme al Sito 29 - Gorski kotar, Vrbovsko, che è gestito secondo il taglio a scelta culturale. Tuttavia, la quantità di legno morto totale in quest'ultimo è circa cinque volte superiore rispetto a quella del Sito 02 - Bosco di Baldo, gestito nello stesso modo (vedi Tabella 3.2.2).

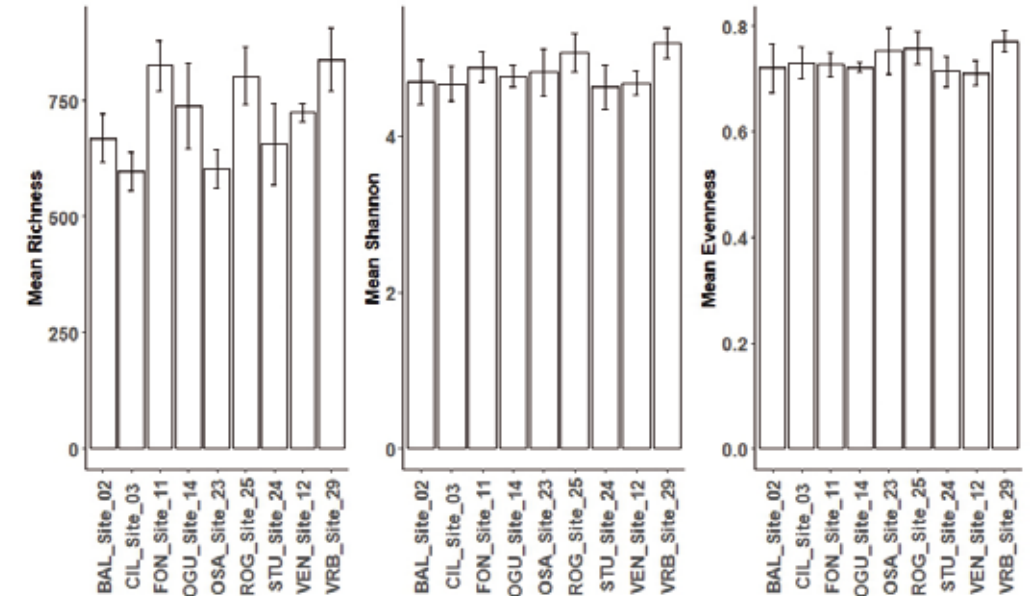


Figura 3.4.2.1. Comparazione degli indici di diversità alpha relativi ai funghi osservati nei soprassuoli di faggio analizzati.

Il sottoinsieme di funghi EcM (ectomicorrizici attivi insieme ai propaguli dormienti) (Figura 3.4.2.2) ha mostrato i valori più alti per il Sito 14 Ogulin e il Sito 29 - Gorski kotar, Vrbovsko, coerenti con i dati degli EcM attivi in questi due siti (vedi Figura 3.4.2.3), ma non con i dati del Sito 02 - Bosco di Baldo. Quali EcM attivi si sviluppano in un certo momento può dipendere da molti parametri ambientali, come le condizioni meteorologiche, la fenologia degli alberi, ecc.

La maggiore ricchezza tassonomica e diversità degli EcM attivi sono state registrate per il Sito 02 - Bosco di Baldo, il Sito 14 - Ogulin e il Sito 29 - Gorski kotar, Vrbovsko (Figura 3.4.2.3). Il Sito 02 - Bosco di Baldo e il Sito 29 - Gorski kotar, Vrbovsko sono gestiti con sistemi selvicolturali di taglio a scelta culturale, mentre il bosco dove si trova il Sito 14 è gestito con un sistema di tagli successivi uniformi. Tuttavia, il Sito 14 negli ultimi dieci anni è un bosco da seme e quindi sono stati rimossi gli alberi morti o alberi in cattivo stato di salute (tagli fitosanitari).

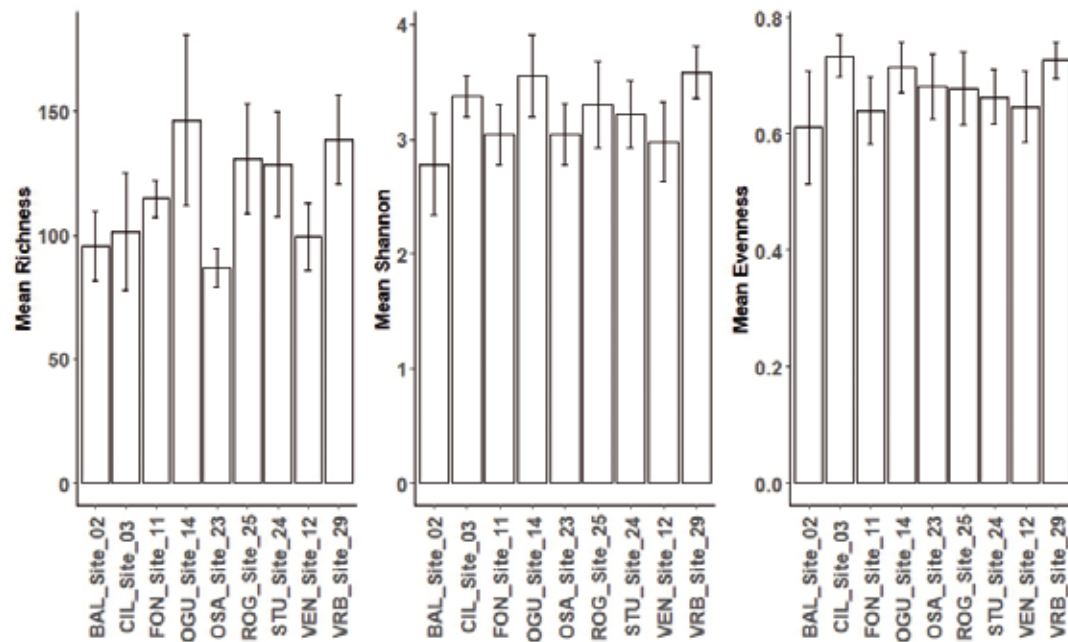


Figura 3.4.2.2. Comparazione degli indici di diversità alpha relativi ai funghi osservati nei soprassuoli di faggio analizzati.

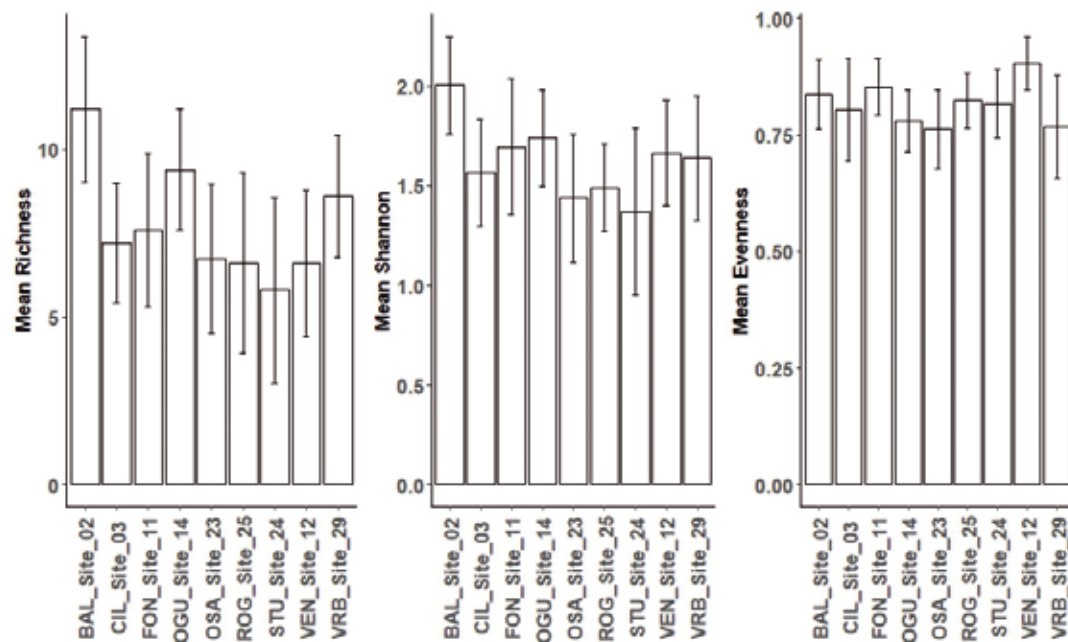


Figura 3.4.2.3. Indici di diversità alpha di ectomicorricize attive. Risultati dei siti di faggio analizzati.

I sistemi selvicolturali hanno influenzato significativamente la ricchezza di tutti i funghi, con i sistemi non gestiti e quelli di taglio a scelta che hanno supportato valori più alti rispetto ai sistemi di taglio a tagli successivi uniformi e a gruppi (Figura 3.4.2.4a). Questo suggerisce che le pratiche di gestione meno intensive sono benefiche per la diversità fungina. Tuttavia, gli effetti sull'indice di diversità di Shannon sono stati meno pronunciati e non c'è stato un impatto significativo sull'Evenness, indicando che la distribuzione dell'abbondanza relativa delle specie rimane costante tra le diverse pratiche di gestione. Nel sottoinsieme degli EcM, i sistemi selvicolturali hanno anch'essi influenzato significativamente la ricchezza, rispecchiando i modelli osservati nella comunità fungina totale. I sistemi non gestiti e quelli a taglio a scelta hanno mostrato una maggiore ricchezza di EcM, sottolineando l'importanza delle pratiche di gestione meno intensive per mantenere la diversità degli EcM. Gli effetti sull'indice di diversità di Shannon sono stati significativi, ma non hanno mostrato chiare distinzioni tra le diverse pratiche di gestione, similmente alla comunità fungina totale. Anche in questo caso, l'Evenness non è stata significativamente influenzata.

La ricchezza dei taxa degli EcM attivi nei siti non gestiti era comparabile a quella dei siti con sistemi di taglio uniformi, mentre i sistemi di taglio a scelta hanno mostrato un leggero scostamento positivo (Figura 3.4.2.4b). I livelli elevati di ricchezza tassonomica per gli EcM attivi nel sistema di taglio a scelta potrebbero essere correlati alla maggiore complessità della struttura forestale, combinata con la rimozione di alberi di copertura che previene la transizione allo stato climax della successione. Secondo la letteratura (Twieg *et al.*, 2007), la maggiore ricchezza di specie di funghi ectomicorricizi si verifica nel caso di copertura chiusa, caratterizzata dai tassi di crescita degli alberi più elevati e

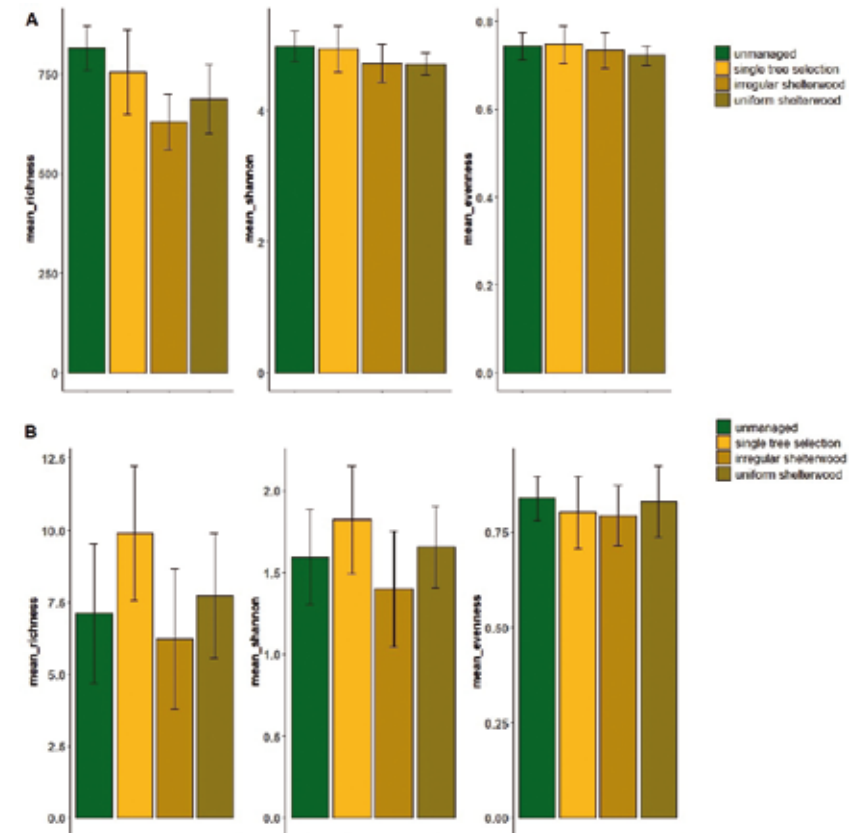


Figura 3.4.2.4. Comparazione tra gli indici di diversità alpha di tutti i funghi (A) e gli EcM attivi (B) nei siti di faggio analizzati, divisi per tipologia di gestione.

dalla massima area fogliare, che corrisponde a una maggiore allocazione di carbonio nel suolo, alle radici e ai simbionti radicali (Twieg *et al.*, 2007). Gli effetti sull'indice di diversità di Shannon non hanno mostrato chiari modelli di differenze tra le pratiche di gestione, e non c'è stato un impatto significativo sull'*Evenness*.

Sebbene i sistemi selvicolturali influenzino le comunità fungine, il loro effetto è spesso offuscato da influenze più forti come la localizzazione e il tipo di substrato. Gli effetti significativi di queste variabili suggeriscono che le condizioni ambientali locali e le differenze regionali sono determinanti cruciali della diversità fungina e della struttura delle comunità. Di conseguenza, sebbene le pratiche di gestione siano importanti, dovrebbero essere considerate insieme a questi altri fattori influenti per una gestione e conservazione efficaci della biodiversità fungina.

L'analisi della beta diversità, che riflette i cambiamenti nella composizione delle comunità fungine tra i diversi siti, ha rivelato che il tipo di substrato gioca un ruolo cruciale nel modellare sia la comunità fungina totale che la comunità EcM (Figura 3.4.2.5).

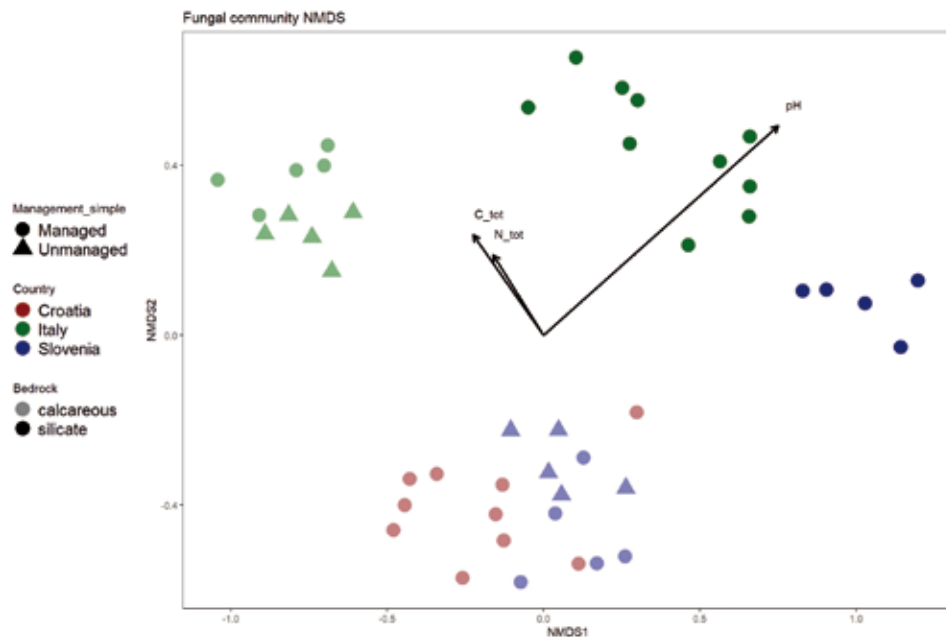


Figura 3.4.2.5. Risultati dell'analisi NMDS (*Non-metric MultiDimensional Scaling*) basata sulla distanza di Bray-Curtis (stress=0.1050), confrontando le comunità fungine totali influenzate dal substrato roccioso, dalla posizione e dalla gestione (non gestito vs gestito).

I risultati della PERMANOVA hanno mostrato che il substrato ha influenzato significativamente la composizione di queste comunità, suggerendo che la geologia sottostante e la chimica del suolo sono tra i principali fattori determinanti della composizione delle comunità fungine. Questa influenza è stata più pronunciata rispetto a quella delle pratiche selvicolturali, evidenziando l'impatto fondamentale dei fattori abiotici sulle comunità fungine. Per la comunità degli EcM attivi, sebbene le pratiche selvicolturali abbiano influenzato la composizione della comunità, gli effetti dei substrati sono rimasti sostanziali, sottolineando la loro influenza primaria.

3.5 Modello GenBioSilvi

Roberta Ferrante^{1,2}, Cesare Garosi¹, Cristina Vettori^{1,3}, Davide Travaglini¹, Donatella Paffetti¹

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli studi di Firenze (UNIFI), Italia.

² NBFC, National Biodiversity Future Center, Italia

³ Istituto di Bioscienze e Biorisorse (IBBR), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Italia

Misurare la diversità genetica è cruciale per comprendere lo stato di salute degli ecosistemi forestali in risposta al cambiamento climatico e per supportare gli sforzi di conservazione e gestione.

Sulla base dei risultati ottenuti (si veda *deliverable Action B2 GenBioSilvi model*), possiamo supporre che esista una elevata diversità genetica in tutti i siti, ma non possiamo concludere che ci sia una significativa differenza di diversità genetica tra i siti, anche se differiscono per tipi di gestione. Analizzando il modello di distribuzione della diversità genetica basato sui dati SSR (*Simple Sequence Repeat*), abbiamo osservato che le foreste vetuste presentano una struttura genetica spaziale complessa ed eterogenea. La struttura genetica spaziale osservata nelle foreste vetuste di faggio può essere attribuita all'accoppiamento non casuale tra individui strettamente imparentati. La maggior parte dei semi di faggio germina vicino agli alberi madre, contribuendo così alla formazione di tali strutture familiari. La gestione può influenzare la demografia della popolazione.

Dai risultati ottenuti per ciascun tipo di gestione, è stato possibile osservare una struttura genetica spaziale complessa simile a quella riportata per le foreste vetuste nei siti gestiti con taglio a scelta culturale. Il Sito 02 - Bosco di Baldo, costituito da faggete monospecifiche, ha riportato la struttura genetica spaziale più complessa tra i siti gestiti. Osservando i vari boschi gestiti secondo i sistemi di tagli successivi uniformi e a gruppi, abbiamo osservato una tendenza a una struttura genetica spaziale semplificata. La complessità della foresta vetusta e della foresta del Sito 02 implica un ecosistema dinamico e adattabile, capace di rispondere ai cambiamenti ambientali generando nuova variabilità genetica attraverso la ricombinazione e il flusso genico tra le sottopopolazioni. Inoltre, abbiamo osservato un elevato numero di SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) correlati con le condizioni ambientali attuali nei vari siti. La presenza di queste varianti alleliche associate agli indicatori bioclimatici che meglio caratterizzano l'ambiente locale è importante. Abbiamo riscontrato che la foresta del Sito 02 presenta un numero maggiore di SNP correlati con gli indicatori bioclimatici e una struttura genetica spaziale complessa. Sulla base dei nostri risultati, appare che le migliori condizioni si trovino nelle foreste vetuste e nei siti gestiti con il sistema di taglio a scelta. La struttura del popolamento è un elemento chiave nella valutazione delle funzioni ecologiche e dei servizi negli ecosistemi forestali.

Per descrivere la biodiversità, abbiamo osservato i dati dendrometrici per definire la struttura forestale dei siti analizzati. Grazie a questi dati, possiamo supporre che la migliore struttura osservata sia quella caratteristica di una foresta disetanea multistratificata. I siti che presentano queste caratteristiche sono la foresta del Sito 02 - Bosco di Baldo, il Sito 11 - Fonte Novello e il Sito 25 - Rajhenavski Rog. Una popolazione disetanea multistratificata supporta la presenza di rinnovazione naturale perché mostra aperture nella copertura che creano condizioni ideali per l'insediamento della rinnovazione naturale. Inoltre, una foresta multistratificata aumenta la probabilità di presenza di specie sporadiche e consente una maggiore dispersione del polline, promuovendo la diversità genetica. Pertanto, sulla base dei migliori parametri utilizzati per definire la struttura forestale, abbiamo osservato che i siti caratterizzati da una struttura forestale disetanea multistratificata presentano anche una complessa struttura genetica spaziale e una elevata diversità genetica.

Il legno morto svolge ruoli funzionali cruciali, come il ciclo dei nutrienti e il sequestro del carbonio. La presenza di legno morto può favorire la germinazione e lo sviluppo delle piantine di specie arboree, fungendo da siti di nursery e contribuendo così al rinnovamento forestale.

Per quanto riguarda la quantità di legno morto, la situazione migliore si è osservata nei siti non gestiti, che hanno mostrato un volume maggiore di legno morto.

Il legno morto fornisce un microhabitat importante per lo sviluppo e la conservazione di specie fondamentali per l'ecosistema forestale. Oltre al legno morto, abbiamo osservato altri indicatori legati ai microhabitat saproxilici. Il maggior numero di microhabitat arborei è stato rilevato in siti dove sono presenti individui secolari con deformazioni del fusto e cavità. La frequenza di microhabitat epixilici è inferiore rispetto a quella dei saproxilici in tutte le popolazioni osservate. Gli epixilici sono utilizzati come indicatori per valutare le condizioni dell'ecosistema. La presenza di questi microhabitat è una fonte importante di biodiversità.

Sulla base dei risultati ottenuti, i tipi di gestione che consentono strutture forestali complesse, tipiche di popolamenti disetanei e a più strati, aumentano la probabilità di osservare diverse forme di microhabitat. La maggior parte dei siti analizzati è costituita da boschi puri di faggio. Alcuni siti, come il Sito 29 - Gorski kotar, Vrbovsko, il Sito 25 - Rajhenavski Rog e il Sito 12 - Venacquaro, presentano specie sporadiche come *Abies alba* Mill., *Prunus avium* L., *Acer* spp. L. e *Fraxinus* spp. L.. Queste specie sporadiche dovrebbero essere mantenute, e laddove mostrano rinnovazione naturale, questa dovrebbe essere mantenuta, conservata e/o stimolata.

I sistemi di gestione alterano le dinamiche microbiche del suolo, portando potenzialmente a una riduzione della diversità dei funghi ectomicorrizici. Questa diminuzione può ostacolare la crescita degli alberi e compromettere la funzionalità complessiva degli ecosistemi forestali. Di conseguenza, la comprensione di questi effetti è fondamentale per promuovere una Gestione Forestale Sostenibile. Le significative differenze osservate nella composizione delle comunità batteriche, ectomicorriziche e fungine tra le strategie di gestione forestale *close to nature*, non gestite e gestite con media intensità sono attribuibili a una varietà di fattori. Ciascun approccio di gestione rappresenta un livello distinto di disturbo per l'ecosistema forestale. La gestione *close to nature* promuove strategie di gestione forestale che favoriscono le dinamiche naturali e migliorano la loro complessità strutturale con la minima interferenza umana, mentre le foreste non gestite subiscono interventi umani limitati o nulli. La gestione di media intensità, invece, può utilizzare tecniche più intensive, introducendo così una maggiore perturbazione nell'ecosistema. In conclusione, abbiamo ipotizzato che una migliore diversità del suolo sia presente nei siti gestiti con minor impatto e nelle foreste vetuste.

Le pratiche di gestione forestale, in particolare quelle che coinvolgono il taglio degli alberi, influenzano la comunità del suolo, componenti fondamentali per il ciclo dei nutrienti e il benessere degli alberi. Queste pratiche alterano la dinamica microbica del sottosuolo, portando potenzialmente a una riduzione della diversità dei funghi ectomicorrizici. Questo declino può ostacolare la crescita degli alberi e compromettere la funzionalità complessiva degli ecosistemi forestali. Di conseguenza, comprendere questi effetti è imperativo per promuovere una Gestione Forestale Sostenibile.

Le marcate e significative differenze osservate nelle composizioni delle comunità batteriche, ectomicorriziche e fungine tra le strategie di gestione forestale *close to nature*, non gestite e con gestione di media intensità sono attribuibili a una varietà di fattori. Ogni approccio gestionale rappresenta un livello distinto di disturbo per l'ecosistema forestale. La gestione *close to nature* mira a imitare i disturbi naturali con un'interferenza antropica minima, mentre le foreste non gestite nessuna interferenza antropica umana. La gestione di media intensità, invece, può coinvolgere tecniche più intensive, introducendo così maggiori perturbazioni all'ecosistema. In conclusione, abbiamo ipotizzato che una migliore diversità del suolo sia presente in siti gestiti con un minore impatto e in foreste vetuste.

Analizzando i risultati, abbiamo osservato che la condizione che conserva e/o aumenta la diversità è il sito gestito con taglio a scelta. Questo tipo di gestione è meno impattante, inoltre imita le condizioni normalmente riscontrabili nelle foreste vetuste e non gestite. La rimozione di pochi individui basata sul fenotipo e la loro posizione spaziale porta alla formazione di aperture nella copertura arborea che favoriscono la crescita della rinnovazione naturale. Infatti, mentre nelle foreste vetuste, la rin-

novazione è presente prevalentemente ai margini, nei siti con sistema a taglio a scelta la presenza di rinnovazione naturale è stimolata anche all'interno del popolamento. Questo tipo di gestione aumenta la complessità della struttura forestale, presentando un modello a più strati, caratteristica tipica di una foresta disetanea. Ciò consente una migliore dispersione del polline - un alto flusso genico - poiché sono presenti meno barriere. Questo favorisce la diversità genetica e aumenta la complessità genetica spaziale, portando a una maggiore probabilità di insorgenza di nuove varianti alleliche, essenziali per rispondere ai cambiamenti climatici. Inoltre, un aspetto chiave della resilienza degli ecosistemi forestali è la presenza di un'alta biodiversità. Dai nostri risultati abbiamo osservato che i popolamenti che mostrano una maggiore diversità genetica presentano anche una maggiore biodiversità a livello di ecosistema e di specie.

Tabella 3.5.1. Descrizione degli indicatori selezionati per valutare lo stato dei popolamenti.

Categorie	Indicatori	Descrizione
Struttura forestale	Deviazione standard (SD) dei diametri a petto d'uomo (DBH)	Variazione dei diametri degli alberi presenti nello stand analizzato
	% di piante nello strato di rinnovazione (con DBH compreso tra 2,5 e 10 cm)	Presenza di rinnovazione naturale da seme della specie target
	Curva di distribuzione in classi di diametro	Complessità di struttura verticale ed orizzontale
	Struttura verticale (distribuzione in altezza degli alberi)	
Legno morto	Presenza di legno morto in piedi	Descrizione della presenza di legno morto in piedi e a terra
	Detriti legnosi grossolani	
Diversità di specie	Ricchezza di specie	Presenza di altre specie arboree nel sito
	Percentuale di rinnovazione della specie non-target	
Microhabitat arborei	Percentuali di cavità presenti	Presenza di microhabitat

Sulla base dei risultati ottenuti durante le analisi, attraverso l'osservazione di questi indicatori è possibile simulare lo stato della diversità genetica del popolamento e guidare gli utilizzatori forestali verso una gestione sostenibile per conservare e/o aumentare la diversità genetica presente.

Considerando i risultati ottenuti dall'analisi di tutti gli indicatori di biodiversità, abbiamo sviluppato un modello che descrive lo stato attuale delle risorse genetiche all'interno del sito. Questo modello è stato sviluppato per aiutare gli utilizzatori forestali a verificare lo stato attuale della biodiversità del popolamento e fornire linee guida per una gestione sostenibile. Per sviluppare un modello adatto e facile da usare, abbiamo osservato che è possibile identificare un insieme di indicatori chiave più rappresentativi. Gli indicatori alla base del modello possono descrivere indirettamente lo stato della diversità genetica del popolamento, come si è visto dai risultati ottenuti. Inoltre, è possibile identificare alcuni indicatori più rappresentativi della biodiversità in termini di legno morto, microhabitat arborei e diversità delle specie. Per questo motivo, abbiamo deciso di escludere nella forma sviluppata per gli utenti la raccolta dati sulla diversità genetica e sulla diversità del suolo, che sono difficili da osservare. A tal proposito, abbiamo sviluppato un modello che prevede l'osservazione di alcuni indicatori chiave che descrivono lo stato attuale del popolamento analizzato. Gli indicatori selezionati sono mostrati nella Tabella 3.5.1.

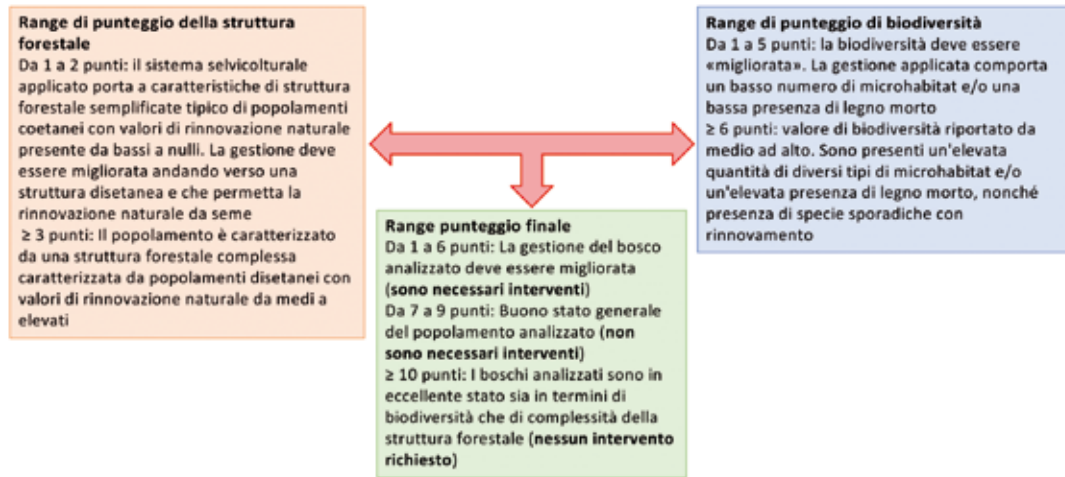



Figura 3.5.1. Linee guida per la gestione forestale basate sul punteggio finale ottenuto dalla valutazione e compilazione della scheda forestale.

Il modello ha comportato la produzione di un modulo che richiede la compilazione di determinati parametri che possono essere facilmente osservati in campo dagli utilizzatori. Sulla base dei nostri risultati, abbiamo scelto soglie di valore per ciascun indicatore selezionato. L'annotazione dei dati reali effettivi per ciascun indicatore produrrà un punteggio basato sulle soglie selezionate. Il punteggio finale è associato all'identificazione dello stato attuale del popolamento analizzato. Per ogni punteggio finale, vengono fornite indicazioni riguardo alle possibili azioni da intraprendere per implementare una gestione sostenibile del popolamento (Figura 3.5.1). Di seguito è riportato l'esempio del modulo che abbiamo prodotto per la compilazione (Figura 3.5.2). Invece, la Figura 3.5.3 mostra il modulo compilato in base ai dati reali ottenuti dal Sito 02 - Bosco di Baldo.

 SCHEDA DI VALUTAZIONE GenBioSilvi		
Riferimenti del sito (località, posizione, ecc.)	Sistema selvicolturale attualmente applicato	Indicazioni per una Gestione Forestale Sostenibile sotto Cambiamenti Climatici
Indicatori di struttura forestale	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale orizzontale e verticale
Deviazione standard (SD) dei diametri a petto d'uomo (DBH)	Score 1 (DBH SD < 5) Score 2 (5 ≥ DBH SD ≤ 15) Score 3 (DBH SD > 15)	Score 1 (Struttura forestale semplificata senza rinnovazione) - da 4 a 6 Score 2 (Struttura forestale semplificata con rinnovazione o struttura forestale complessa senza rinnovazione) - da 7 a 8 Score 3 (Struttura forestale complessa con rinnovazione) - da 9 a 11 Score 4 (Struttura forestale complessa con rinnovazione in tutta l'area) - da 12 a 13
% di piante nello strato di rinnovazione (con DBH compreso tra 2,5 e 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) Score 4 (% Rinn ≥ 50)	
Curva di distribuzione in classi di diametro	Score 1 (Uni-modale) Score 2 (Bi modale) Score 3 (J rovesciata)	
Struttura verticale (distribuzione in altezza degli alberi)	Score 1 (Mono-stratificato) Score 2 (Bi-stratificato) Score 3 (Multi-stratificato)	
Punteggio indicatori di struttura forestale		

Indicatori di biodiversità	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale
Indicatori legno morto		
Presenza di legno morto in piedi	Score 1 (assenza di legno morto in piedi)	Score 1 (Assenza di legno morto) - 1 Score 2 (Presenza di legno morto in piedi e assenza di detriti) - 3
	Score 2 (presenza di legno morto in piedi)	
Detriti legnosi grossolani	Score 1 (assenza di detriti legnosi)	Score 3 (Presenza di legno morto in piedi e presenza di detriti) - 4
	Score 2 (presenza di detriti legnosi)	
Indicatori di diversità di specie		
Presenza/assenza di altre specie	Score 1 (assenza di altre specie)	Score 1 (Sito monospecifico) - 2 Score 2 (Specie sporadiche con poca o assente rinnovazione) - 3 Score 3 (Specie sporadiche con presenza di rinnovazione) - da 4 a 6
	Score 2 (presenza di altre specie)	
% di rinnovazione di altre specie oltre la specie target (diametro da 2,5 a 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15)	
	Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30)	
	Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50)	
Indicatori di microhabitat arborei	Score 4 (% Rinn ≥ 50)	
% di alberi con cavità	Score 1 (% piante < 15)	Score 1 (Assenza o basso numero di microhabitat) - 1 Score 2 (Presenza di microhabitat) - 2 Score 3 (Alto numero di microhabitat presenti) - 3
	Score 2 (15 ≥ % Rinn < 50)	
	Score 3 (% Rinn ≥ 50)	
Punteggio indicatori di struttura forestale		
Punteggio complessivo		

Figura 3.5.2. Struttura della scheda di valutazione del popolamento forestale.




 SCHEDA DI VALUTAZIONE GenBioSilvi		
Riferimenti del sito (località, posizione, ecc.)	Sistema selvicolturale attualmente applicato	Indicazioni per una Gestione Forestale Sostenibile sotto Cambiamenti Climatici
Il "Bosco di Baldo" è una proprietà forestale privata gestita dalla Famiglia Baldo, tramandata di padre in figlio dal XIX secolo. Parte dell'area di studio ricade in una ZPS della Rete Natura 2000 denominata "Pian degli Ontani" (codice IT5130004). La proprietà si estende su 10 ha a quota compresa fra 1000 e 1200 m s.l.m.; il substrato è composto da rocce silicatiche ed il suolo è bruno-acido.	Il Bosco di Baldo è una fustaia di faggio disetanea gestita con una forma di taglio a scelta colturale effettuato secondo le tradizioni locali; il taglio è effettuato ogni 5-6 anni e le piante da tagliare sono selezionate a seconda delle dimensioni, delle caratteristiche tecnologiche del fusto e delle esigenze della rinnovazione.	Punteggio finale 10: il bosco analizzato è in eccellente stato in termini di complessità della struttura forestale e in buono stato in termini di biodiversità Nessun intervento richiesto
Indicatori di struttura forestale	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale orizzontale e verticale
Deviazione standard (SD) dei diametri a petto d'uomo (DBH)	Score 1 (DBH SD < 5) <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (5 ≥ DBH SD ≤ 15) Score 3 (DBH SD > 15)	Score 1 (Struttura forestale semplificata senza rinnovazione) - da 4 a 6 Score 2 (Struttura forestale semplificata con rinnovazione o struttura forestale complessa senza rinnovazione) - da 7 a 8 Score 3 (Struttura forestale complessa con rinnovazione) - da 9 a 11 <input checked="" type="checkbox"/> Score 4 (Struttura complessa con rinnovazione in tutta l'area) - da 12 a 13
% di piante nello strato di rinnovazione (con DBH compreso tra 2,5 e 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) <input checked="" type="checkbox"/> Score 4 (% Rinn ≥ 50)	
Curva di distribuzione in classi di diametro	Score 1 (Uni-modale) Score 2 (Bi modale) <input checked="" type="checkbox"/> Score 3 (J rovesciata)	
Struttura verticale (distribuzione in altezza degli alberi)	Score 1 (Mono-stratificato) Score 2 (Bi-stratificato) <input checked="" type="checkbox"/> Score 3 (Multi-stratificato)	
13. Punteggio indicatori di struttura forestale		
Indicatori di biodiversità	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale
Indicatori legno morto		
Presenza di legno morto in piedi	Score 1 (assenza di legno morto in piedi) <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (presenza di legno morto in piedi)	Score 1 (Assenza di legno morto) - 1 <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (Presenza di legno morto in piedi e assenza di detriti) - 3
Detriti legnosi grossolani	<input checked="" type="checkbox"/> Score 1 (assenza di detriti legnosi) Score 2 (presenza di detriti legnosi)	Score 3 (Presenza di legno morto in piedi e presenza di detriti) - 4
Indicatori di diversità di specie		
Presenza/assenza di altre specie	<input checked="" type="checkbox"/> Score 1 (assenza di altre specie) Score 2 (presenza di altre specie)	<input checked="" type="checkbox"/> Score 1 (Sito monospecifico) - 2 Score 2 (Specie sporadiche con poca o assente rinnovazione) - 3 Score 3 (Specie sporadiche con presenza di rinnovazione) - da 4 a 6
% di rinnovazione di altre specie oltre la specie target (diametro da 2,5 a 10 cm)	<input checked="" type="checkbox"/> Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) Score 4 (% Rinn ≥ 50)	
Indicatori di microhabitat arborei		
% di alberi con cavità	<input checked="" type="checkbox"/> Score 1 (% piante < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 50) Score 3 (% Rinn ≥ 50)	<input checked="" type="checkbox"/> Score 1 (Assenza o basso numero di microhabitat) - 1 Score 2 (Presenza di microhabitat) - 2 Score 3 (Alto numero di microhabitat presenti) - 3
6. Punteggio indicatori di struttura forestale		
10. Punteggio complessivo		

Figura 3.5.3. Scheda di valutazione del Sito 02 - Bosco di Baldo.

3.6 Raccomandazioni per una Gestione Forestale Sostenibile

Andrej Breznikar¹, Davide Travaglini²

¹ Slovenia Forest Service (SFS), Slovenia

² Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli studi di Firenze (UNIFI), Italia

Panoramica sui sistemi selvicolturali

La selvicoltura sostenibile e *close to nature* utilizza metodi di gestione forestale che promuovono la conservazione della natura e delle foreste in modo da preservarle come ecosistema naturale, con tutte le sue forme di vita e le relazioni che vi si instaurano. Essa si basa su una pianificazione forestale dettagliata, adattata alle condizioni specifiche del sito e del popolamento, così come alle funzioni della foresta, considerando i processi e le strutture naturali che caratterizzano gli ecosistemi forestali naturali. I processi naturali sono alterati il meno possibile, mantenendo al contempo la redditività economica e la sostenibilità sociale della gestione forestale (Veselič, 2008).

I sistemi selvicolturali per i boschi di faggio dovrebbero essere selezionati con attenzione per promuovere approcci *close to nature* e simulare i processi naturali nei popolamenti forestali. Nell'ambito del progetto LIFE SySTEMiC sono stati analizzati quattro approcci selvicolturali nei boschi di faggio:

- Tagli successivi a gruppi, dove la rinnovazione forestale si presenta nei gap e nelle aperture.
- Taglio a scelta colturale, dove alberi di diverse dimensioni ed età sono presenti su una piccola superficie.
- Tagli successivi uniformi, dove il vecchio popolamento viene rimosso con una serie di tagli (solitamente tre nel caso del faggio) per far insediare un nuovo popolamento coetaneo sotto la protezione del vecchio.
- Foreste non gestite, dove i processi naturali che si instaurano all'interno della foresta non vengono influenzati dalla gestione forestale.

I sistemi selvicolturali analizzati sono descritti in dettaglio nell'introduzione di questo manuale. Nel progetto LIFE SySTEMiC sono stati studiati 12 boschi di faggio, corrispondenti a 4 Tipi di Foresta Europea (EFT): 6.6 *Illyrian sub-mountainous beech forest*; 7.2 *Central European mountainous beech forest*; 7.3 *Apennine-Corsican mountainous beech forest* and 7.4 *Illyrian mountainous beech forest*. I risultati, descritti nei capitoli precedenti, mostrano che i sistemi selvicolturali a ridotto impatto sono più favorevoli per la conservazione della variabilità genetica, come il taglio a scelta colturale e i tagli successivi a gruppi.



Figura 3.6.1. I tagli successivi a gruppi sono una tipologia di gestione comune in alcuni Paesi europei.

Caratteristiche selvicolturali del faggio

Il faggio è una specie arborea tollerante l'ombra, presente in molte comunità forestali in Europa e in diversi tipi di foresta, per lo più come specie dominante o, in alcuni casi, come specie associata. È caratterizzato da una crescita lenta nella fase giovanile, che culmina solo dopo 45 anni quando le condizioni di luce lo permettono. L'incremento di volume del faggio raggiunge il massimo molto tardi, in alcuni siti, solo dopo i 75 anni di età. In generale, l'incremento volumetrico totale medio non mostra segni di declino fino all'età di 150 anni. Il faggio risponde anche alle misure selvicolturali o diradamenti fino a tarda età, superando tutte le altre specie arboree (Diaci, 2006).

Minacce

Il faggio è relativamente resistente alla maggior parte delle malattie. Non subisce predazioni massive da parte di parassiti che portano al disseccamento totale dei popolamenti. Le gelate tardive primaverili danneggiano spesso gli alberi giovani o i fiori, che emergono simultaneamente con l'apertura delle foglie. La luce solare intensa può danneggiare la superficie del tronco. Gli afidi possono attaccare la corteccia e il fungo *Nectria ditissima* (Tul. & C. Tul.) Samuels & Rossman provoca necrosi della corteccia (Wuehlisch, 2010).

Le principali minacce per i boschi di faggio a causa del cambiamento climatico sono i disastri naturali come le gelate e le stroncature da neve a quote più elevate, così come il vento che può causare danni ingenti. I boschi di faggio situati nei siti più caldi possono essere a rischio a causa delle siccità estive intense. I boschi sui versanti settentrionali sono meno minacciati (ZGS, 2021).

Per quanto riguarda i fattori biotici, si ritiene che questi boschi possano essere danneggiati da organismi indigeni in combinazione con l'indebolimento del vigore dovuto al riscaldamento climatico (cause complesse di essiccamento, *Phytophthora*) e possibili invasioni di nuove malattie e parassiti.

La stabilità dei popolamenti di faggio con una maggiore presenza di altre specie è fortemente minacciata dallo stato di salute di queste specie (ad esempio abete rosso e bostrico). C'è anche un aumento del rischio di introduzione e diffusione di specie invasive alloctone nei boschi vicini a insediamenti e infrastrutture (strade, ferrovie). Una minaccia importante per gli alberi giovani è anche rappresentata dal brucamento da parte della fauna selvatica (ZGS, 2021).



Figura 3.6.2. La neve/gelo può essere molto dannosa per i popolamenti di faggio ad elevate altitudini.

Valutazione del potenziale di adattamento del faggio al cambiamento climatico

La valutazione del potenziale di adattamento delle foreste di faggio ai cambiamenti climatici mostra che, grazie alla riuscita della rinnovazione e alla relativamente alta adattabilità del faggio ai cambiamenti ambientali, il potenziale di adattamento delle faggete è piuttosto alto. Il potenziale di adattamento futuro dipende principalmente dalla tipologia di gestione, dal grado di interventi selvicolturali e dalla riduzione dei danni causati dal brucamento da parte della fauna selvatica (ZGS, 2021).

Rinnovazione dei popolamenti di faggio

La selvicoltura *close to nature* imita, per quanto possibile, i processi e le strutture naturali. Attraverso la rinnovazione naturale delle faggete, si preserva l'adattabilità degli alberi alle condizioni specifiche dei siti di crescita e alla dinamica naturale. I soprassuoli di faggio dovrebbero essere rinnovati naturalmente e dovrebbero imitare una mescolanza di specie arboree tipiche dei boschi naturali (ZGS, 2021).

La rinnovazione naturale dei popolamenti di faggio non è generalmente problematica. I popolamenti giovani di faggio sono caratterizzati da una densità con stratificazione vigorosa. Nei gap e nei popolamenti giovani disomogenei, gli alberi dominanti sviluppano rapidamente chiome sovrastanti (Diaci, 2006).

Il metodo più comune per la rinnovazione dei popolamenti di faggio è sotto copertura. La rinnovazione avviene in una sequenza di tagli, principalmente secondo il sistema di tagli successivi uniformi (Nocentini, 2009) o come parte di un sistema a tagli successivi a gruppi (Westergren *et al.*, 2015). I tagli successivi a gruppi sono pianificati in piccoli gap di rinnovazione (da una a due volte l'altezza d'albero), che vengono poi gradualmente connessi tra loro nel tempo. Un sistema molto adatto è anche quello del taglio a scelta colturale, soprattutto in boschi misti con abete bianco e in aree dove la pressione di un ambiente climaticamente instabile è molto elevata (ZGS, 2021). D'altra parte, la rinnovazione può anche essere introdotta su aree leggermente più grandi (oltre 2 ha), che dovrebbero essere spazialmente separate da popolamenti maturi. Questo approccio selvicolturale presenta già alcune caratteristiche della gestione a tagli successivi uniformi.

La rinnovazione nei gap dovrebbe iniziare dopo l'anno di pasciona, con un'intensità di taglio tra il 30 e il 50% del volume legnoso (Matić *et al.*, 2003). È necessario preparare il popolamento per la rinnovazione naturale, tagliando il sottobosco e lo strato arbustivo. Dove possibile, si utilizza la rinnovazione naturale, poiché il processo di rinnovazione e la sua affermazione disturba meno l'evoluzione e preserva la diversità genetica delle popolazioni di alberi forestali. Dopo l'apparizione di piantine di alta qualità, la rinnovazione continua con un'intensità di taglio più alta (tra il 50 e il 60% del volume legnoso) per aumentare la competitività di altre specie importanti, che fanno parte delle comunità forestali di faggio. Con i tagli finali, si completa la rinnovazione al più tardi quando i giovani alberi sono alti da 1 a 2 metri. Tutti i tagli di rinnovazione in aree con popolamenti giovani già affermati devono essere effettuati al di fuori del periodo vegetativo (ZGS, 2021).

Nelle aree dove la rinnovazione naturale fallisce, si raccomanda di ripristinare la foresta piantando e arricchendo con piantine di faggio, con l'aggiunta di altre specie arboree adatte al sito (come querce, acero campestre, altre specie di latifoglie nobili). L'arricchimento dovrebbe essere effettuato solo in piccoli gruppi. La dimensione delle aree per il ripristino dovrebbe essere la più piccola possibile; la struttura a mosaico dei futuri boschi aumenta la loro resilienza alle minacce dei cambiamenti climatici.

Nonostante il ripristino naturale sia una scelta prioritaria, la rinnovazione mediante piantagione e semina dovrebbe essere attentamente considerata. Lo svantaggio della rinnovazione naturale è che le risorse forestali possono essere messe in pericolo, poiché le specie arboree longeve non possono adattarsi rapidamente a nuove malattie e parassiti semplicemente trasferendo informazioni genetiche attraverso i processi evolutivi naturali. Particolarmente problematiche sono le aree danneggiate in cui gli alberi hanno compromesso le parti rigenerative delle loro chiome, che dovrebbero garantire la rinnovazione naturale (ZGS, 2021).

Cura e protezione dei popolamenti di faggio

Le misure di cura e protezione più adatte sono riassunte sulla base delle linee guida per la Gestione Forestale Sostenibile in Slovenia (ZGS, 2021) e dei risultati del progetto LIFE SySTEMiC. Dal punto di vista selvicolturale, il faggio, a una densità adeguata, pulisce rapidamente i propri rami, e quindi le misure di diradamento nelle fasi giovanili comprendono principalmente la rimozione di alberi malformati, danneggiati e troppo cresciuti. Gli alberi nel sottobosco non dovrebbero essere rimossi poiché sono una parte importante per la stabilità del futuro popolamento. Regolando la composizione degli alberi, è necessario mantenere la biodiversità delle specie arboree e ridurre la proporzione di specie non desiderate.

Si dovrebbe prestare particolare attenzione alla stabilità dei popolamenti di faggio, specialmente sui pendii. Con le nuove conoscenze sullo sviluppo dei popolamenti forestali, a causa della crescente importanza economica della gestione forestale e della crescente necessità di una maggiore resistenza dei popolamenti, sono necessari aggiornamenti e adattamenti delle misure selvicolturali. In un periodo di aumento della frequenza e della gravità delle catastrofi naturali, le questioni di stabilità e resilienza dei popolamenti di faggio stanno diventando sempre più importanti. Con trattamenti selvicolturali intensivi, la stabilità dei popolamenti di faggio è minacciata. Il cosiddetto diradamento situazionale, che considera i classici principi selvicolturali, ma si concentra su un piccolo numero di alberi bersaglio selezionati, è una soluzione più adatta. Parti del popolamento forestale possono essere lasciate allo sviluppo naturale e all'automatismo naturale, il che preserva anche la sua diversità genetica (Sever et al. 2022)..

Quando si scelgono gli alberi *target*, il principio che si applica è che la vitalità e la stabilità dell'albero hanno la priorità sulla qualità, la quale a sua volta ha la precedenza sulla distanza tra gli alberi *target*. L'intensità della rimozione degli alberi concorrenti per ciascun albero *target* è regolata in base alle condizioni del popolamento forestale e delle specie arboree (Diaci, 2021).

Una trasformazione naturale graduale (rinnovamento) dei popolamenti adulti di faggio è necessaria solo quando la composizione delle specie arboree è cambiata al punto da mettere in pericolo la loro stabilità. Il cambiamento dovrebbe andare nella direzione di una rinnovazione naturale con latifoglie, in particolare faggio e tutte le latifoglie nobili, compresi ciliegio e tiglio.

Le misure di protezione forestale nei popolamenti di faggio sono orientate a misure preventive come la riduzione dei periodi di produzione nei popolamenti più vulnerabili, il miglioramento della stabilità dei popolamenti - diradamenti tempestivi e sufficienti, che garantiranno un rapporto appropriato tra il diametro e l'altezza dell'albero, le chiome degli alberi devono avere spazio sufficiente per la



Figura 3.6.3. Il diradamento è ancora parte della gestione dei popolamenti di faggio nella loro età adulta.

crescita, mantenere un bordo forestale strutturato e proteggere la crescita naturale giovane da un eccessivo brucamento da parte della fauna selvatica (ZGS, 2021).

Adattamento dei popolamenti di faggio al cambiamento climatico

Le principali misure per adattare la gestione forestale dei popolamenti di faggio ai cambiamenti climatici si concentrano sull'adattamento della composizione arborea nei popolamenti di faggio, sull'aumento della resilienza delle foreste attraverso strutture diversificate a tutti i livelli, in particolare genetico, mediante avanzate misure di rinnovazione e rimboschimento, e sull'incremento della loro stabilità con tempestive misure di cura (ad esempio diradamenti), formazione di strutture forestali stratificate e selettive in popolamenti idonei e, non ultimo, sul monitoraggio e la conservazione della biodiversità forestale, a partire dalla diversità genetica (Bajc *et al.*, 2020).

Il ripristino forestale dei popolamenti di faggio offre la possibilità di scegliere specie arboree e provenienze che si presume siano meglio adattate o adattabili al cambiamento ambientale. D'altra parte, durante il periodo di ripristino, la foresta è particolarmente sensibile ai cambiamenti climatici, poiché i giovani alberi sono particolarmente vulnerabili alla siccità e ad altre condizioni climatiche estreme. La pressione selettiva sulla giovane crescita migliora le possibilità di sopravvivenza dei popolamenti adulti che si sviluppano dalle fasi giovanili di sviluppo del popolamento forestale. È necessario scegliere provenienze di faggio e miscele di specie arboree che siano adattate a diverse condizioni di crescita, in grado di formare popolamenti forestali stabili e strutturalmente diversificati.

Una misura chiave per adattare la gestione forestale sarà anche l'aumento della stabilità e della resistenza dei popolamenti di faggio ai pericoli naturali previsti più frequenti (rotture da gelo, rotture da neve). Soluzioni adeguate si trovano nella strutturazione a mosaico dei popolamenti forestali, nelle strutture vicine al sistema di taglio a scelta e nel diradamento tempestivo dei popolamenti giovani e di mezza età. La stabilità delle strutture dei popolamenti può essere aumentata anche riducendo le dimensioni delle aperture, formando bordi forestali, accorciando i periodi di produzione e introducendo specie arboree con sistemi radicali profondi (Breznikar, 2019).

Per garantire l'adattabilità dei popolamenti futuri ai cambiamenti ambientali, è necessario utilizzare materiale forestale di propagazione (FRM) geneticamente diversificato, ottenendo semi da un gran numero di alberi durante il periodo di intensa fioritura e fruttificazione, mescolando appropriatamente il FRM e, sulla base di test di provenienza, trasferendo in modo scientificamente fondato diverse provenienze locali tra differenti ambienti ecologici. Inoltre, è importante una pianificazione appropriata a medio termine dello stoccaggio delle scorte di semi nella banca del seme e la costante disponibilità di piantine adeguate (Bajc *et al.*, 2020).



Figura 3.6.4. La rinnovazione di successo dei popolamenti di faggio mediante piantagione dipende dalla qualità e dalla diversità genetica delle fonti di semi.



4. GESTIONE FORESTALE SOSTENIBILE PER *PINUS* spp (*Pinus nigra* J.F. Arnold, *Pinus pinea* L., *Pinus pinaster* Aiton)

4.1 Introduzione

Miran Lanščak¹, Anđelina Gavranović Markić¹, Sanja Bogunović¹, Zvonimir Vujnović¹, Barbara Škiljan¹, Mladen Ivanković¹

¹ Croatian Forest Research Institute (CFRI), Croatia

² Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

Pinus spp.

I pini in Europa sono tra i generi più importanti da un punto di vista ecologico ed economico nelle regioni del Mediterraneo e sub-Mediterraneo. A livello globale, sono uno dei generi più numerosi dal punto di vista tassonomico, con oltre 100 specie che crescono principalmente nell'emisfero settentrionale. I pini vivono in aree ben illuminate e si adattano a varie condizioni ecologiche, tra cui temperatura, umidità e suolo. Possono vivere fino a 250 anni. I pini sono conifere sempreverdi con un numero di aghi caratteristici, che può variare da due, tre o cinque. I loro coni maturano nel secondo o terzo anno.

Pinus nigra L. - Biologia e area di distribuzione

Il pino nero (*Pinus nigra* J.F. Arnold) è una conifera sempreverde originario della regione mediterranea e parte dell'Europa. Può essere suddivisa in cinque sottospecie in base alla distribuzione geografica, alla lunghezza degli aghi e alla loro rigidità: *P. nigra* J.F. Arnold subsp. *nigra*, distribuita nell'Austria sud-orientale, nell'Italia settentrionale, nella penisola balcanica, in Bulgaria, Romania, Turchia; *P. nigra* subsp. *salzmannii* (Dunal) Franco, distribuita nell'Europa sud-orientale, in Francia (Hérault, Pirenei), Spagna, Algeria e Marocco; *P. nigra* subsp. *larico* (Poir.) Palib. Ex Maire, distribuita in Francia e Italia; *P. nigra* subsp. *dalmatica* (Vis.) Franco, distribuita in Croazia; *P. nigra* subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe, distribuita in Grecia, Cipro, Bulgaria sud-occidentale, Macedonia settentrionale sud-orientale, Albania meridionale e dalla Crimea lungo la costa del Mar Nero fino alla Turchia (Gausen *et al.*, 1993; Farjon, 2017). Il pino nero cresce in associazione con *Pinus sylvestris* L., *Pinus mugo* Turra, *Pinus halepensis* Mill., *Pinus pinea* L. e *Pinus haldreichii* Christ (Burns e Honkala, 1990). Il pino nero costituisce in genere popolamenti puri, ma si può trovare anche in popolamenti misti insieme ad altri pini, soprattutto con *Pinus sylvestris* (Isajev *et al.*, 2004). È un pino di medie dimensioni che può raggiungere i 30 metri di altezza (raramente 40-50 metri). I giovani pini neri hanno una forma alta e slanciata, che diventa più rotonda con l'avanzare dell'età, sviluppando in alcuni casi anche una chioma appiattita a forma di ombrello (Isajev *et al.*, 2004). La corteccia degli esemplari giovani è grigio-brunastra e squamosa, e si screpola e si sfalda man mano che gli alberi maturano. Le varietà occidentali presentano placche chiare, mentre le sottospecie orientali hanno scanalature più scure, quasi nere. Negli alberi più vecchi le fessure diventano molto profonde e le placche sono molto più grandi (Eckenwalder, 2009). Le gemme sono ovoidali, appuntite e resinose. Gli aghi, che crescono a coppie, sono lunghi 8-15 (19) cm, spessi 1-2 mm, diritti o ricurvi e finemente seghettati. Il colore è verde, da chiaro a intenso a seconda della provenienza, e presentano su ciascuno dei due lati 12-24 file di stomi. Persistono sull'albero per 3-4 (8) anni (Willis *et al.*, 1998). Il pino nero è una specie monoica. La maturità riproduttiva viene raggiunta ai 15-20 anni di età. Gli amenti maschili sono di colore giallo brillante, cilindrici e a gambo corto, mentre le infiorescenze femminili sono di colore dal rosso brillante al viola, piccole e a gambo corto o sessili. L'impollinazione è anemofila e avviene da maggio a giugno, quando il polline viene rilasciato in grande quantità. Dopo l'impollinazione i coni iniziano a svilupparsi lentamente. I coni maturi sono sessili e si allargano orizzontalmente, lunghi 4-8(9) cm e larghi 2-4 cm. I coni maturano da settembre a novembre della seconda stagione vegetativa, passando dal giallo-verde al giallo-marrone lucido fino al marrone chiaro. Si aprono nel terzo anno dopo l'impollinazione. I coni contengono 30-40 semi grigi, lunghi 5-7 mm, con un'ala lunga 19-26 mm

(Isajev *et al.*, 2004). La dispersione dei semi avviene da ottobre a novembre della seconda stagione vegetativa. La produzione di seme avviene ogni due-cinque anni. I popolamenti di pino nero si trovano a quote comprese tra 350 e 2200 m, con una quota ottimale tra 800 e 1500 m (Praciak *et al.*, 2013). Può crescere su diversi suoli, dalle sabbie ai terreni calcarei, spesso a seconda della regione e del clima (Farjon e Filer, 2013). Il pino nero può crescere sia in habitat estremamente secchi che umidi, con una notevole tolleranza alle fluttuazioni di temperatura. È fotofilo, intollerante l'ombra e tollera bene il vento, la siccità e i suoli salini.

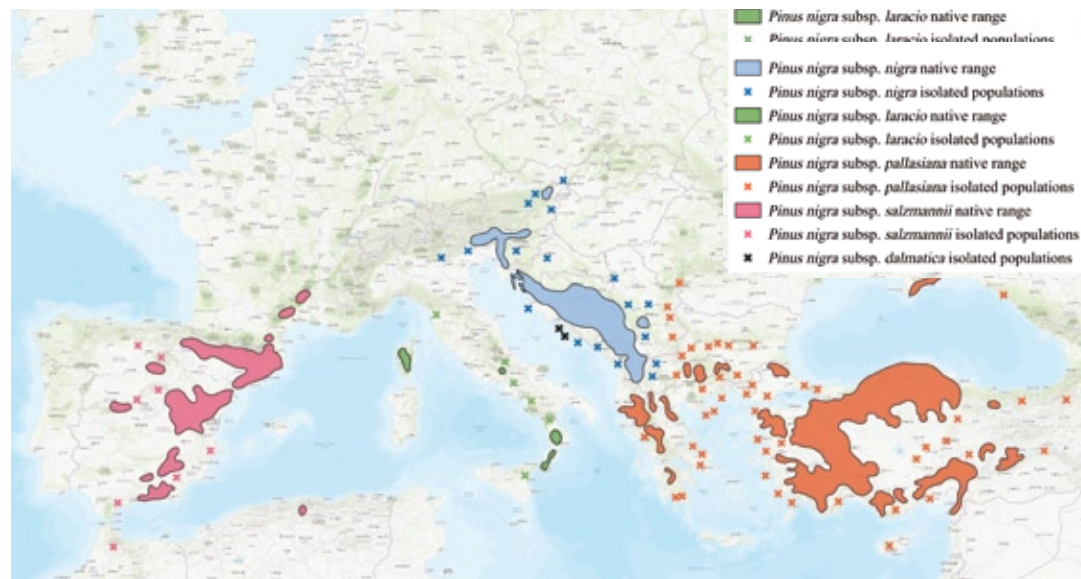


Figura 4.1.1. Distribuzione del pino nero (EUFORGEN 2009, www.euforgen.org).

Pinus pinea L. - Biologia e area di distribuzione

Il pino domestico (*Pinus pinea* L.), noto anche come pino a ombrello, è una conifera sempreverde originaria della regione mediterranea, distribuita dal Portogallo alla Siria e lungo alcune aree costiere del Mar Nero (Farjon e Filer, 2013). La sua distribuzione naturale originaria è complicata da determinare a causa dell'estesa coltivazione e diffusione fin dall'epoca preromana, che rende difficile distinguere le aree autoctone da quelle in cui è stato piantato. A causa della sua importanza economica, l'attività umana ha influenzato in modo significativo la sua attuale diversità geografica e genetica.

Il pino domestico è ampiamente coltivato in Spagna, Portogallo, Italia e Turchia per la produzione di frutta e di legname, la protezione dell'ambiente e la realizzazione di impianti per scopi ricreativi. È stato introdotto con successo anche in Nord Africa, Argentina e Sudafrica (Bussotti, 1996).

Il pino domestico è un albero di medie dimensioni che cresce fino a 25-30 metri, con tronchi che superano i 2 metri di diametro. La chioma nella fase giovanile è globosa e densa, per poi assumere la tipica forma di ombrello che, successivamente, si appiattisce e si allarga. Il tronco è spesso corto, con rami inclinati verso l'alto e fogliame vicino alle estremità. La corteccia è di colore grigio cenere e fessurata nei giovani alberi, diventando marrone rossastra con profonde fessure longitudinali tra placche squamose grigie. Le gemme sono lunghe circa 1 cm, con squame marroni. Gli aghi sono verde brillante, in fascicoli di due, lunghi 8-15 cm con apice appuntito e stomi su ogni lato, permanendo sull'albero per 2-3 anni. Il pino domestico è una specie monoica. La maturità riproduttiva negli alberi isolati inizia a 15-20 anni, mentre nei popolamenti forestali a 20-30 anni. Gli amenti pollinici gialli si trovano in grappoli alla base dei germogli stagionali e i coni ovoidali sono eretti e lunghi circa 2 cm. L'impollinazione è anemofila e avviene da maggio a giugno, con polline rilasciato in grande quantità.

La fecondazione avviene due anni dopo l'impollinazione e i coni maturano nel terzo anno. I coni maturi, lunghi 8-14 cm, ovoidali, sessili e isolati, rimangono attaccati per anni dopo l'apertura. I semi sono marrone chiaro, coperti da polvere nera, lunghi 15-20 mm e relativamente pesanti. Le ali sono facilmente staccabili, ma non efficaci per la dispersione tramite vento. Il pino domestico presenta variazioni significative nella produzione di semi da un anno all'altro (Eckenwalder, 2009; Johnson e More, 2006).

Il pino domestico è presente in un'ampia gamma di condizioni climatiche e pedologiche lungo il bacino del Mediterraneo. Si trova dal livello del mare fino a 500-600 m nel Mediterraneo settentrionale e fino a 800-1400 m nel Mediterraneo orientale. Costituisce prevalentemente popolamenti puri, che si rigenerano naturalmente per seme. I popolamenti si trovano nelle zone a clima termo- e meso-mediterraneo e nei bioclimi subumidi, caratterizzati da estati calde e secche e inverni piovosi e miti. È esigente in termini di luce e preferisce terreni sabbiosi acidi o neutri, anche se tollera terreni leggermente calcarei (Montero *et al.*, 2008).

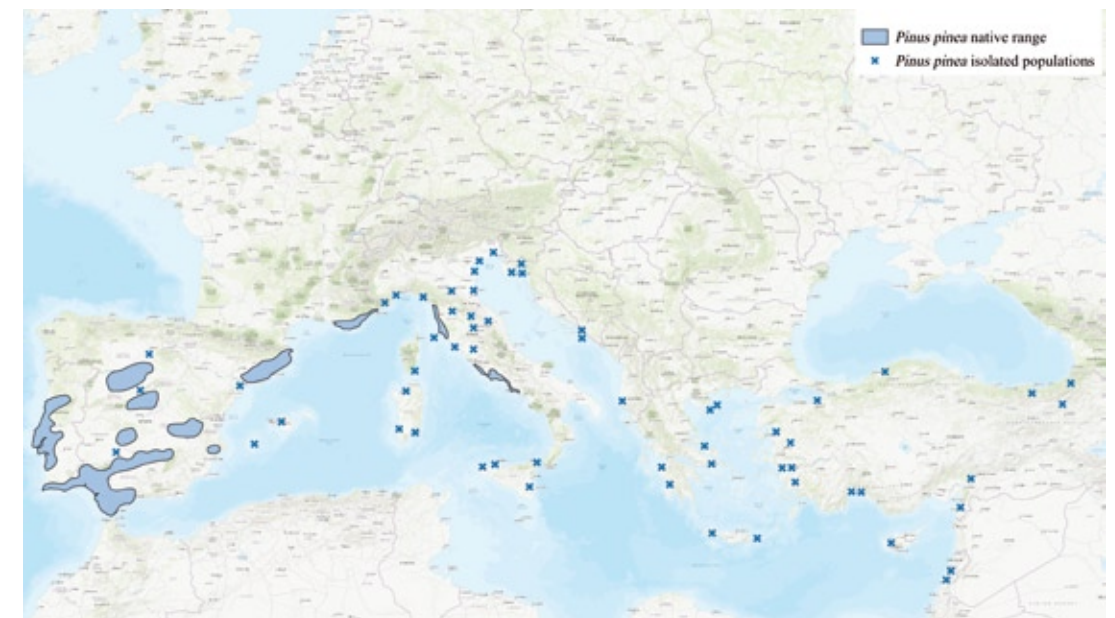


Figura 4.1.2. Distribuzione del pino domestico (EUFORGEN 2009, www.euforgen.org).

Pinus pinaster Aiton - Biologia e area di distribuzione

Pinus pinaster Aiton, il pino marittimo, è un albero sempreverde molto diffuso, originario della regione meridionale dell'Europa atlantica e di parte del Mediterraneo occidentale.

È un albero di medie dimensioni, che raggiunge i 20-35 m di altezza. La corteccia è rosso-arancio, spessa e profondamente fessurata (Iravani e Zolfaghari, 2014). Gli aghi sono per lo più a coppie (Idžojtić, 2009), lunghi fino a 25 cm, di colore verde-bluastro o verde-giallastro. I coni sono di forma ovoidale-conica, lunghi 10-20 cm e larghi 5-7 cm alla base quando sono chiusi, inizialmente verdi, che maturano in marrone lucido a 24 mesi. Si aprono lentamente negli anni successivi, o dopo essere stati riscaldati da un incendio boschivo, per rilasciare i semi, che si aprono fino a 8-10 cm di larghezza (Idžojtić, 2013).

L'areale del pino marittimo si concentra principalmente nel bacino occidentale del Mediterraneo e nella costa atlantica meridionale dell'Europa. È presente nella penisola iberica, nella Francia

meridionale, nell'Italia occidentale, nelle isole del Mediterraneo occidentale, nel Marocco settentrionale, in Algeria e in Tunisia. La sua presenza si è espansa a causa delle piantagioni artificiali e della naturalizzazione, raggiungendo la costa sud-occidentale della Francia, i Paesi adriatici e persino l'Europa settentrionale, compresi Regno Unito e Belgio (Jalas e Suominen, 1973; Critchfield e Little, 1966; Pereira, 2002; Farjon e Filer, 2013). Due fattori principali hanno influenzato l'attuale distribuzione frammentata di *P. pinaster*: la discontinuità e l'altitudine delle catene montuose, che isolano anche popolazioni vicine, e il significativo impatto antropico attraverso la deforestazione e i cambiamenti di uso del suolo (Alía e Martín, 2003). Nonostante queste difficoltà, il pino marittimo continua a essere ampiamente piantato e coltivato in diversi Paesi, sia all'interno che all'esterno del suo areale naturale. Si estende dal livello del mare nelle pianure costiere a quote moderate fino a 1600 m nella penisola iberica e nella Corsica insulare, e fino a circa 2000 m in Marocco (Wahid *et al.*, 2006; Farjon, 2010). Questo range di altitudine evidenzia l'adattabilità della specie a diverse quote e condizioni climatiche. Cresce tipicamente in aree temperate calde con influenze climatiche oceaniche, in particolare in regioni umide e subumide con precipitazioni annue superiori a 600 mm. Tuttavia, può sopravvivere in regioni con solo 400 mm di precipitazioni annue se l'umidità atmosferica è sufficiente. Non tollera l'ombra e mostra una preferenza per i terreni silicei a tessitura grossolana, in particolare per i terreni sabbiosi, le dune e altri substrati poveri (Viñas *et al.*, 2016). La tabella 4.1.1 riporta l'elenco dei siti per *Pinus* spp. del progetto LIFE SySTEMiC.

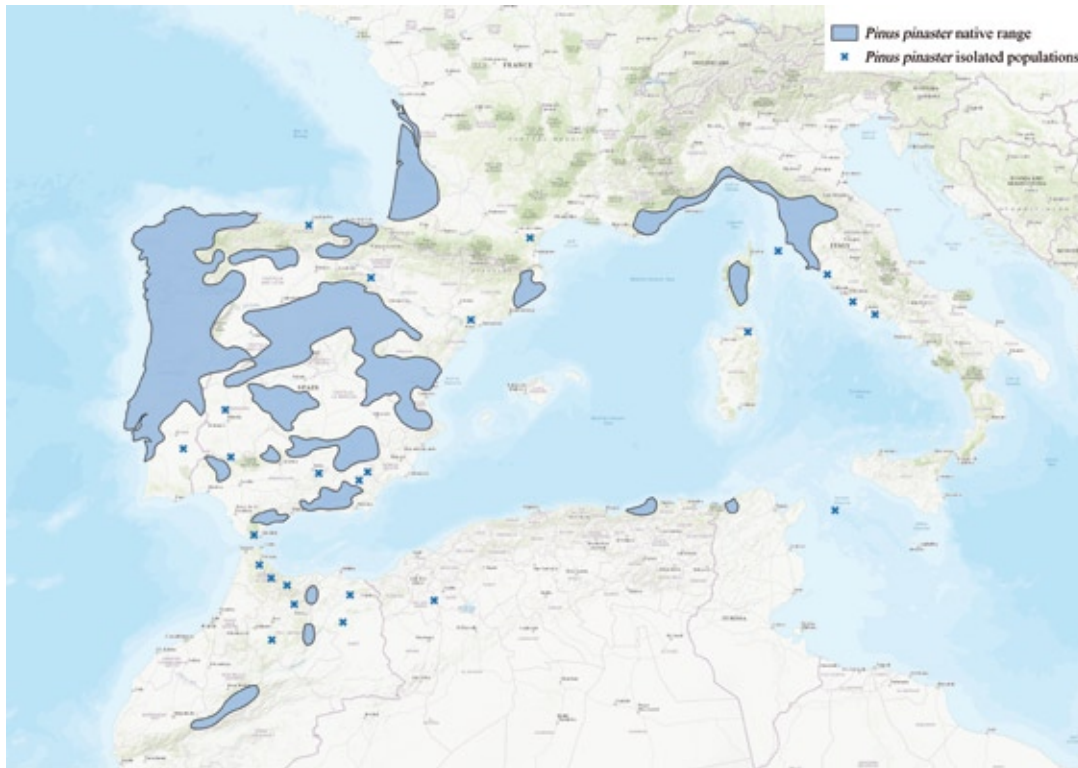


Figura 4.1.3. Distribuzione del pino marittimo (EUFORGEN 2009, www.euforgen.org).

Tabella 4.1.1 Elenco dei siti per *Pinus* spp. del progetto LIFE SySTEMiC.

Id	Nome del sito	Paese	Specie	EFT*	Struttura	Sistema selvicolturale
08	Terminaccio	Italia	<i>P. pinea</i>	10.1	Coetanea	Taglio raso con rinnovazione artificiale posticipata
09A	Fossacci	Italia	<i>P. pinea</i>	10.1	Coetanea	Taglio raso con rinnovazione artificiale posticipata
09B	Fossacci	Italia	<i>P. pinea</i>	10.1	Coetanea	Taglio raso con rinnovazione artificiale posticipata
09C	Fossacci	Italia	<i>P. pinea</i>	10.1	Coetanea	Taglio raso con rinnovazione artificiale posticipata
15	Zadar	Croazia	<i>P. pinea</i>	10.1	Coetanea	Taglio raso con rinnovazione artificiale posticipata
17	Klana	Croazia	<i>P. nigra</i>	3.3	Coetanea	Tagli successivi uniformi
18	Brač	Croazia	<i>P. nigra</i>	10.2	Coetanea	Tagli successivi a gruppi
19	Pelješac	Croazia	<i>P. pinaster</i>	10.1	Coetanea	Tagli successivi a gruppi
22	Mlake	Slovenia	<i>P. nigra</i>	14.1	Coetanea	Tagli successivi uniformi
31	Mljet	Croatia	<i>P. pinea</i>	10.1	Coetanea	Tagli successivi uniformi

* EFT = European Forest Type: 3.3 Alpine Scots pine and Black pine forest; 10.1 Mediterranean pine-forest; 10.2 Mediterranean and Anatolian Black pine forest; 10.6 Mediterranean and Anatolian fir for-est; 14.1 Plantations of site-native species.

4.2 Struttura forestale, legno morto e microhabitat arborei

Davide Travaglini¹, Cesare Garosi¹, Francesco Parisi^{2,3}, Natalija Dovč⁴

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze (UNIFI), Italia

² Università degli Studi del Molise, Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Italia

³ NBFC, National Biodiversity Future Center, Italia

⁴ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

La struttura forestale, il legno morto e i microhabitat arborei sono stati censiti in nove siti (Figura 4.2.1). In ogni sito è stata scelta un'area permanente con una struttura rappresentativa della gestione forestale. L'area ha una forma quadrata con lato di 50 m (area di 2500 m²). Solo quando il numero di alberi della specie *target* (*Pinus* spp con diametro misurato a petto d'uomo > 2,5 cm) è inferiore a 30 alberi, è stata creata un'altra area nel sito, fino a raggiungere il numero minimo di 30 alberi.

I protocolli dettagliati per l'indagine sul campo e l'elaborazione dei dati sono disponibili sulla pagina web di LIFE SySTEMiC: <https://www.lifesystemic.eu/>.



Figura 4.2.1. Siti di *Pinus* spp.

P. pinea L. è la specie arborea dominante (area basimetrica > 75%) nei Siti di Fossacci 09A, 09B, 09C e nel Sito 15 - Zadar; nel Sito 31 - Mljet *P. pinea* L. è associato a *P. halepensis* Mill. e ad altre specie arboree secondarie (*Cupressus sempervirens* L.). *P. nigra* J.F. Arnold è la specie arborea dominante nei Siti 17 - Klana, 18 - Brač e 22 - Mlake. Il Sito 19 - Pelješac è un popolamento puro post-incendio di *P. pinaster* Aiton.

La distribuzione spaziale degli alberi nei siti è riportata nella Figura 4.2.2. La Figura 4.2.3 mostra la distribuzione in classi di diametro del fusto in ciascun sito.

Le variabili di struttura forestale sono riportate nella Tabella 4.2.1.

Nei popolamenti di *P. pinea* L. esaminati (Siti di Fossacci 09A, 09B, 09C, Siti 15 - Zadar, 31 - Mljet), tutti i siti erano gestiti con strutture coetanee; l'area basimetrica variava tra 19 m²/ha e 41 m²/ha, con un valore medio di 29 m²/ha, e il volume variava tra 277 m³/ha e 370 m³/ha, con una media di 322 m³/ha. La diversità della struttura forestale, rappresentata dal coefficiente di variazione del DBH e dal coefficiente di variazione delle altezze, è rispettivamente del 35,6% e del 26,5%.

I popolamenti di *P. nigra* J.F. Arnold (Siti 17 - Klana, 18 - Brač, 22 - Mlake) sono stati tutti gestiti con una struttura coetanea. L'area basimetrica variava tra 29 m²/ha e 51 m²/ha, con un valore medio di 41 m²/ha, e il volume variava tra 171 m³/ha e 423 m³/ha, con una media di 322 m³/ha. Il coefficiente di variazione del DBH e il coefficiente di variazione delle altezze sono stati rispettivamente del 58,5% e del 29,0%.

Il sito di *P. pinaster* Aiton. (19 - Pelješac) aveva un'area basimetrica di 11 m²/ha e un volume di 97 m³/ha.

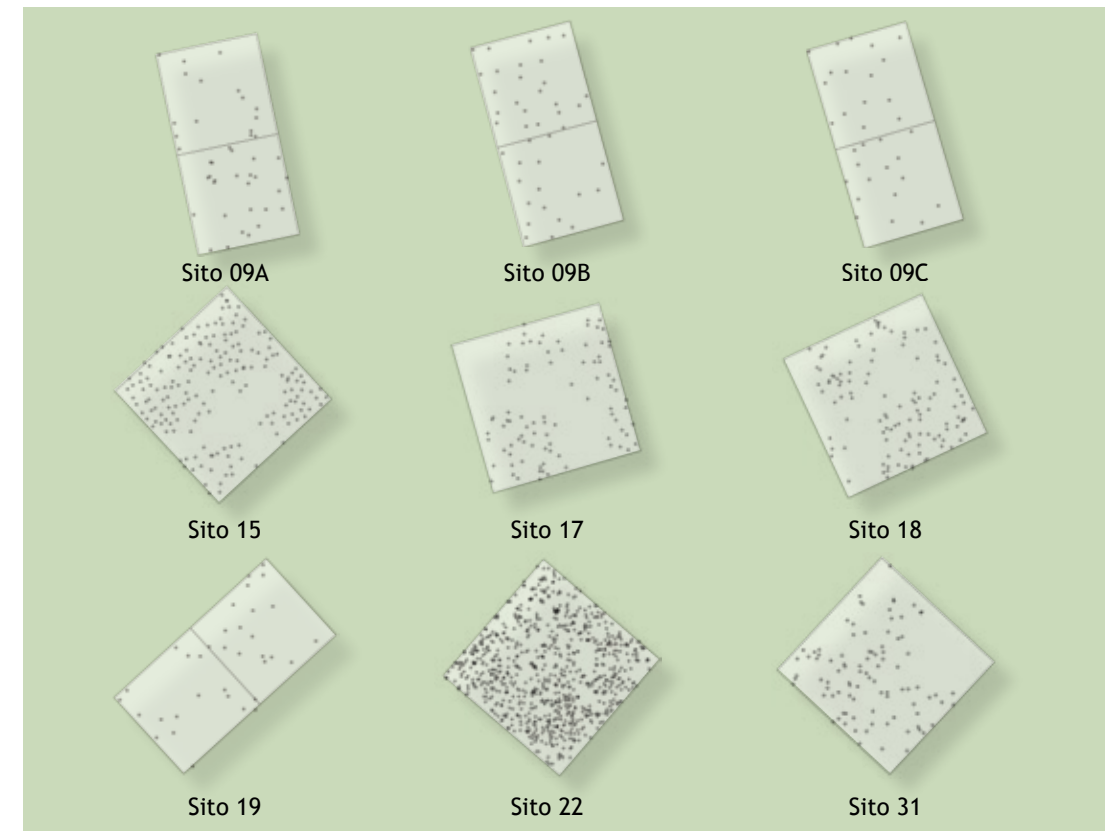


Figura 4.2.2. Distribuzione spaziale degli alberi nei siti.

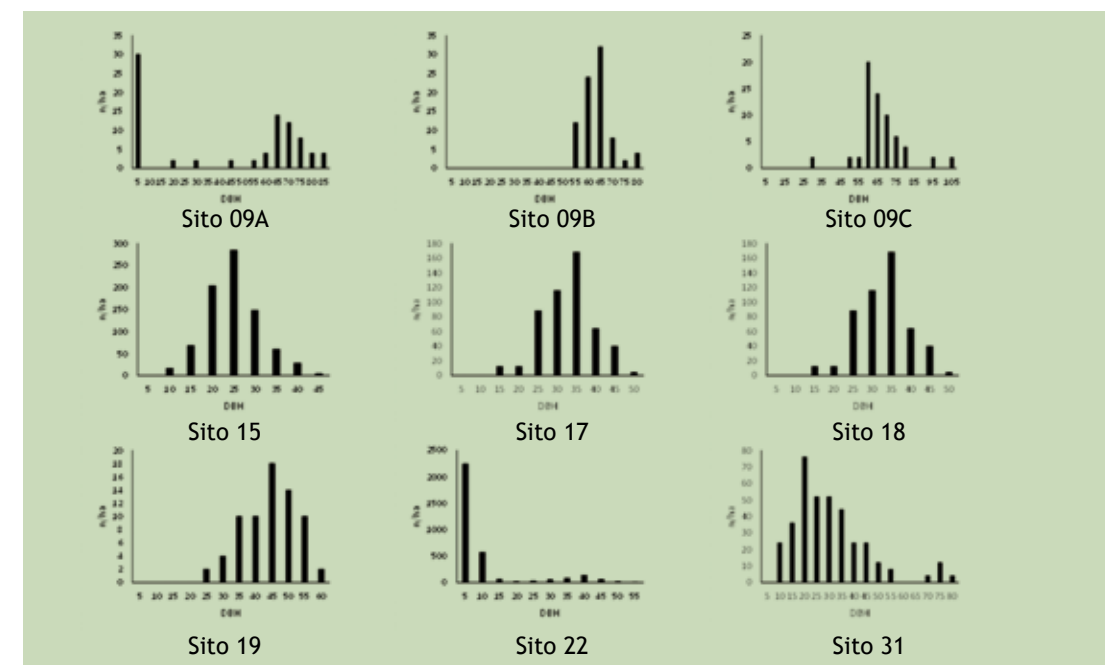


Figura 4.2.3. Distribuzione in classi di diametro degli alberi nei siti.

Tabella 4.2.1. Variabili della struttura forestale nei siti. N=numero di alberi; BA=area basimetrica; V=volume; QMD= media quadratica del diametro (diametro dell'albero medio dell'area basimetrica); MH=altezza media (altezza dell'albero medio dell'area basimetrica); DH=altezza dominante (altezza media dei 100 alberi per ettaro con i diametri maggiori in caso di soprassuolo coetaneo e altezza media dei tre alberi più alti per ettaro in caso di soprassuolo disetaneo); SDDBH= deviazione standard del DBH; SDH= deviazione standard delle altezze totali degli alberi; CVDBH= coefficiente di variazione del DBH; CVH= coefficiente di variazione delle altezze totali degli alberi.

Id	N	BA	V	QMD	MH	DH	SDDBH	SDH	CVDBH	CVH
	n/ha	m ² /ha	m ³ /ha	cm	m	m	cm	m	%	%
09A	84	19.2	283.3	53.9	25.7	26.9	32.2	12.8	74.0	70.3
09B	82	26.1	365.7	63.7	26.6	26.4	5.9	3.2	9.3	12.0
09C	64	23.1	315.8	67.9	26.9	26.8	12.9	4.0	19.4	15.3
15	812	41.1	276.7	25.4	9.2	9.5	6.1	0.6	24.9	6.3
17	504	43.7	423.0	33.2	17.6	18.7	6.7	1.8	20.5	10.7
18	532	28.5	170.9	26.1	9.9	10.9	9.5	2.0	39.2	21.0
19	70	11.3	96.5	45.3	16.2	16.0	8.3	3.2	18.6	19.9
22	3256	51.3	372.5	14.2	14.7	23.3	10.7	5.3	115.9	55.4
31	372	33.6	369.7	33.9	14.1	16.4	15.2	3.6	50.3	28.7

Per ogni sito, la quantità di legno morto è riportata nella Tabella 4.2.2. Nei popolamenti di *P. pinea* L. (Siti di Fossacci 09A, 09B, 09C, e Siti 15 - Zadar e 31 - Mljet), il volume totale di legno morto variava tra 6 m³/ha e 20 m³/ha, con un valore medio di 12 m³/ha, rappresentato per lo più da alberi morti in piedi (49%), altri pezzi di legno morto a terra (19%), ceppaie (17%) e alberi morti a terra (16%).

I popolamenti di *P. nigra* J.F. Arnold (Siti 17 - Klana, 18 - Brač, 22 - Mlake) avevano un volume medio di legno morto di 21 m³/ha. Nel sito di *P. pinaster* Aiton. (Sito 19 - Pelješac) la quantità di legno morto è di 42 m³/ha.

Tabella 4.2.2. Volume di legno morto nei siti.

Id	Alberi morti in piedi (inclusi snags)	Alberi morti a terra	Altri pezzi di legno morto giacenti	Ceppaie	Totale
	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha
09A	12.8	0.0	1.9	2.7	17.4
09B	0.0	0.0	1.6	4.8	6.4
09C	0.0	0.0	4.8	1.5	6.3
15	12.3	0.0	0.1	0.0	12.4
17	1.3	0.8	1.1	2.2	5.4
18	4.5	0.1	0.0	0.0	4.6
19	5.4	13.7	21.1	1.5	41.7
22	7.2	32.3	9.5	2.9	51.8
31	5.0	9.7	3.2	1.6	19.5

La frequenza dei microhabitat arborei in ciascun sito, rappresentata come percentuale di forme di microhabitat, è riportata nella figura 4.2.4. Il legno morto è stato la forma più comune di microhabitat nei popolamenti di *P. pinea* L., soprattutto nei Siti di Fossacci 09A, 09B e 09C. Il legno morto, gli epifiti (Sito 18 - Brač) e le lesioni e ferite (Sito 22 - Mlake) erano comuni nei popolamenti di *P. nigra* J.F. Arnold. Cavità, lesioni e ferite e altre forme di microhabitat arborei erano quasi ugualmente rappresentate nel sito di *P. pinaster* Aiton (Sito 19 - Pelješac).

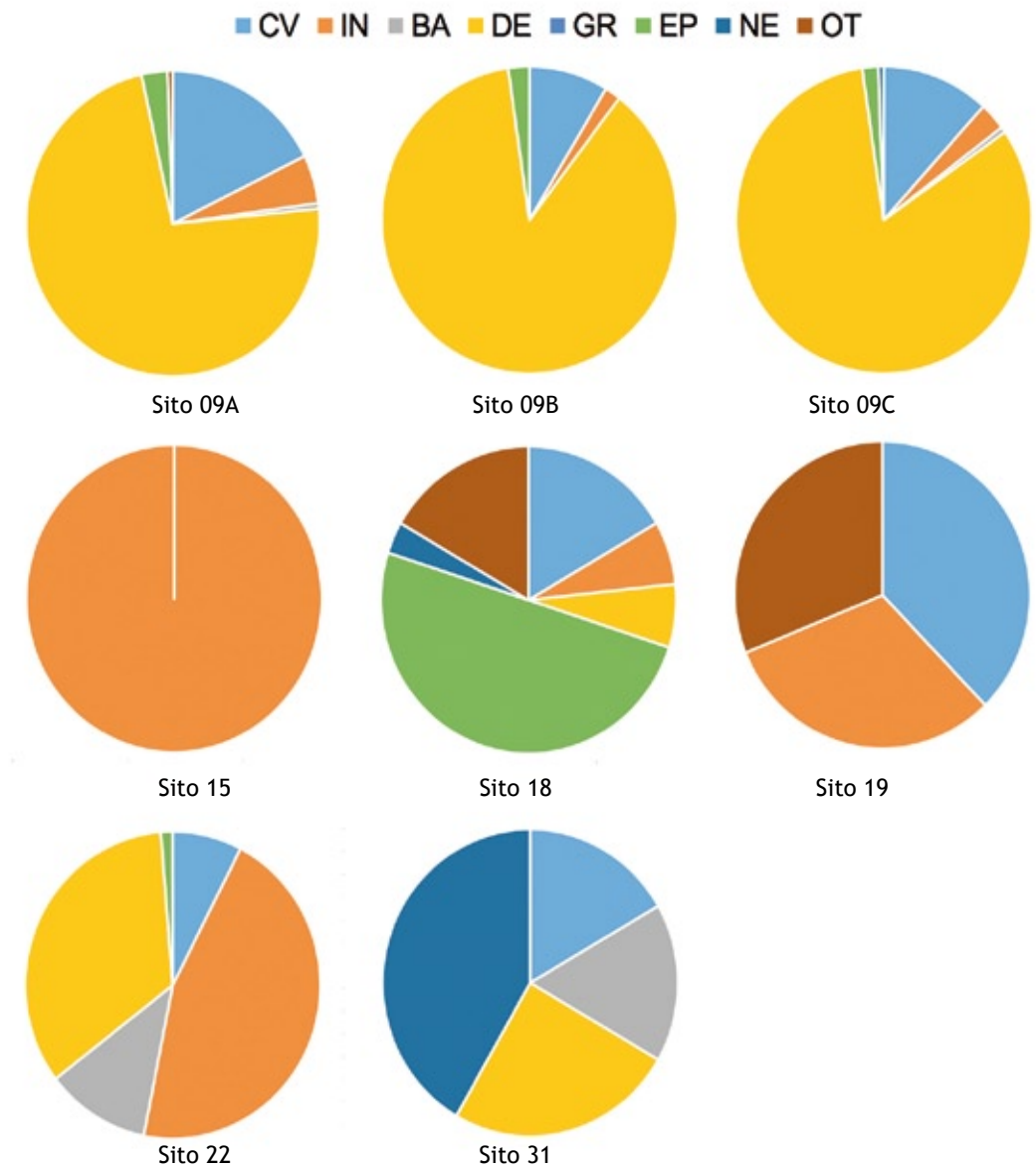


Figura 4.2.4. Microhabitat arborei nei siti (percentuale di forme di microhabitat) (CV = Cavità; IN = Ferite e lesioni; BA = Corteccia; DE = Legno morto; GR = Deformazione / forma di crescita; EP = Epifite; NE = Nidi; OT = Altro).



Figura 4.2.5. Legno morto nel Sito 09A - Fossacci.



Figura 4.2.6. Rinnovazione naturale di *Pinus pinea* L. nel Sito 09B - Fossacci.

4.3 Landscape Genomics

Cesare Garosi¹, Cristina Vettori^{1,2}, Marko Bajc³, Donatella Paffetti¹

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze (UNIFI), Italia

² Istituto di Bioscienze e Biorisorse (IBBR), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Italia

³ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

Il genere *Pinus* spp. L. comprende oltre 100 specie, molte delle quali forniscono importanti servizi ecosistemici nell'emisfero settentrionale, in particolare la produzione di legno. Nonostante la sua ampia distribuzione, *P. pinea* L. presenta una variabilità genetica molto bassa, studiata con vari marcatori, ma dimostra un'elevata plasticità fenotipica (Chambel *et al.*, 2007; Carrasquinho e Gonçalves, 2013). Al contrario, *P. nigra* J.F. Arnold, il pino nero, ha una distribuzione frammentata dal Nord Africa al Mediterraneo settentrionale e da Est fino al Mar Nero e alla Crimea (Eckert e Hall, 2006; Gausson *et al.*, 1964; Scotti-Saintagne *et al.*, 2019). A differenza del *P. pinea*, il *P. nigra* mostra un'alta diversità genetica all'interno delle popolazioni e una bassa diversità tra esse (Fady e Conord, 2010; Scotti-Saintagne *et al.*, 2019), attribuita ad un flusso genico storicamente elevato su lunghe distanze

(Kremer *et al.*, 2012; Scotti-Saintagne *et al.*, 2019). La diversità genetica delle popolazioni potrebbe essere fondamentale per mitigare gli effetti del cambiamento climatico (Mosca *et al.*, 2012) e ottenere l'adattamento attraverso la selezione di alleli potenzialmente benefici, presenti nelle popolazioni (Barret *et al.*, 2008).

Comprendere le dinamiche e i meccanismi dell'adattamento all'ambiente locale nelle popolazioni naturali, fornisce la base per prevedere le risposte ai cambiamenti ambientali, inclusi quelli associati al cambiamento climatico globale. L'adattamento locale può cambiare le frequenze alleliche di varianti geniche che influenzano la *fitness* in particolari ambienti (Lefèvre *et al.*, 2014). Pertanto, comprendere la relazione tra genomi e caratteristiche fenotipiche adattative e in quale misura esse sono influenzate dall'ambiente può essere fondamentale per prevedere il destino delle specie arboree in vista del cambiamento climatico (Babst *et al.*, 2019; Alberto *et al.*, 2013).

In questo contesto, la *Landscape Genomics* è emersa come un flessibile quadro analitico per la comprensione delle interazioni tra l'eterogeneità ambientale e la variabilità genetica adattativa presente nelle popolazioni naturali (Balkenhol *et al.*, 2016). In questo studio, abbiamo utilizzato approcci di *Landscape Genomics* per analizzare la diversità genetica neutrale e adattativa al fine di evidenziare possibili profili di adattamento locale nelle popolazioni analizzate. Pertanto, abbiamo osservato la possibile correlazione presente tra marcatori molecolari adattativi (SNP *Single Nucleotide Polymorphism*) ed indicatori bioclimatici.

Inoltre, sono stati analizzati marcatori molecolari neutrali (nSSR *nuclear Simple Sequence Repeat*) come misura della variabilità genetica neutrale e della struttura delle popolazioni studiate. Sono stati genotipizzati ed analizzati polimorfismi a singolo nucleotide (SNP), utilizzando un approccio di *target re-sequencing* di regioni genomiche candidate, al fine di misurare la variabilità genetica adattativa della popolazione studiata (Figure 4.3.1 e 4.3.2). Come risultato del *target re-sequencing* di *P. pinea*, circa 500 SNP sono stati identificati in 28 regioni genomiche rilevanti per la risposta a uno o più stress abiotici (risultati riportati nel *deliverable Action B1: SNP road-map of each study site*). Inoltre, abbiamo osservato la distribuzione di questi SNP ed abbiamo disegnato delle *road-map* per ciascuna specie, al fine di osservarne la distribuzione spaziale tra tutte le popolazioni analizzate (Figura 4.3.1)

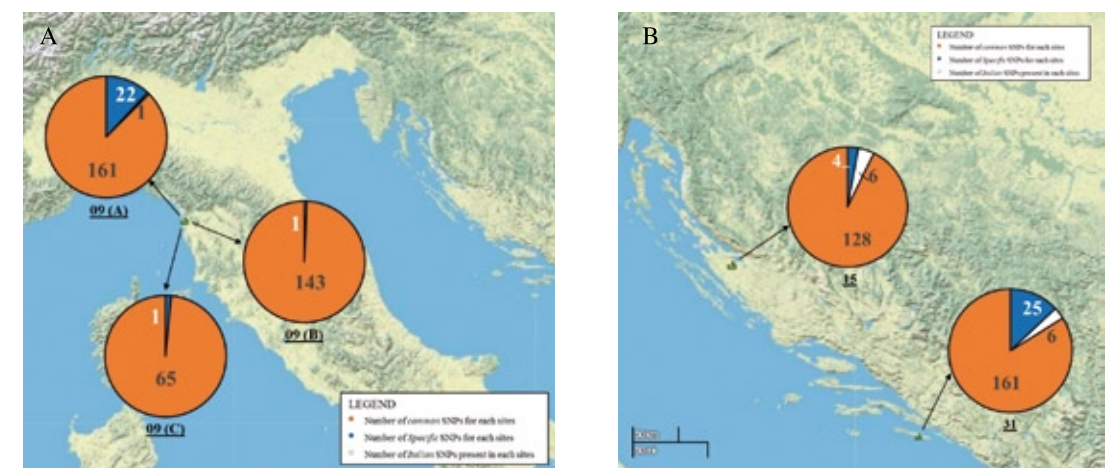


Figure 4.3.1. *Road-map* di *Pinus pinea* L. Distribuzione degli SNP nei siti del progetto LIFE SySTEMiC in Italia (A), Croazia e Slovenia (B). La figura riporta il numero di specifici sub-set di SNP, osservati in ogni sito di studio. La legenda riporta il tipo di dato suddiviso per colore. I colori rappresentano i seguenti sub-set: SNP presenti nel sito che sono comuni con almeno un altro sito (arancione), SNP specifici per il sito di studio (blu) e SNP presenti in quel sito che sono specifici per una nazione (bianco). Sotto ogni grafico viene riportato il numero identificativo del sito corrispondente (grassetto e sottolineato).

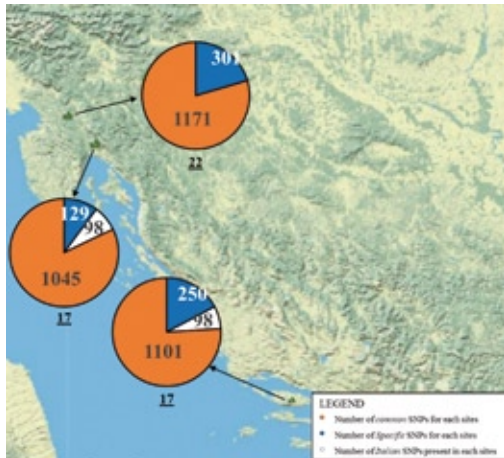


Figure 4.3.2. Road-map di *Pinus nigra*. Distribuzione degli SNP nei siti del progetto LIFE SySTEMiC. La figura riporta il numero di specifici sub-set di SNP, osservati in ogni sito di studio. La legenda riporta il tipo di dato suddiviso per colore. I colori rappresentano i seguenti sub-set: SNP presenti nel sito che sono comuni con almeno un altro sito (arancione), SNP specifici per il sito di studio (blu) e SNP presenti in quel sito che sono specifici per una nazione (bianco). Sotto ogni grafico viene riportato il numero identificativo del sito corrispondente (grassetto e sottolineato).

Come riportato in bibliografia, *P. pinea* è caratterizzato da una bassa diversità genetica. In Figure 4.3.1., è possibile osservare un numero basso di SNP sito specifici e nazionali, per tutte le popolazioni di pino studiate. Tuttavia, è interessante notare la presenza di un elevato numero di SNP sito-specifici nell'area di studio Fossacci (Sito 09) e Mljet (Sito 31). Tutti i siti analizzati si trovano in una regione bio-geoclimatica caratterizzata da condizioni climatiche tipiche del bacino del Mediterraneo. L'elevato numero di SNP sito-specifici osservati potrebbe essere interpretato come un segno di adattamento al regime bioclimatico del bacino del Mediterraneo.

Come risultato del *target re-sequencing* di *P. nigra* sono stati osservati circa 2000 SNP in 21 regioni del genoma rilevanti per la risposta a uno o più stress abiotici. Come riportato nella Figura 4.3.2, abbiamo disegnato delle road-map per ogni specie *target* per osservare la loro distribuzione spaziale tra tutte le popolazioni analizzate.

A differenza di *P. pinea*, *P. nigra* mostra un'alta diversità genetica all'interno delle popolazioni e una bassa diversità tra esse (Fady e Conord, 2010; Scotti-Saintagne *et al.*, 2019). In Figura 4.3.2, è possibile osservare un elevato numero di SNP specifici sia per il sito di studio che per la nazione in tutte le popolazioni di pino nero studiate. Nonostante la differente regione bioclimatica di ciascun sito analizzato, l'elevato numero di SNP sito-specifici riportato potrebbe essere interpretato come un segno di adattamento all'ambiente locale.

Come indicato in bibliografia, l'analisi per individuare il "segno" dell'adattamento locale nelle popolazioni naturali richiede molti step analitici (Blanquart *et al.*, 2013). Per ogni sito sono stati selezionati dodici indicatori bioclimatici dalla bibliografia disponibile (Flint *et al.*, 2013; Gugger *et al.*, 2016, 2021; Pluess *et al.*, 2016). Al fine di identificare i profili di adattamento locale delle specie *target*, abbiamo condotto delle analisi GEA (*Genotype-Environment Association*) a due livelli: analisi globale e analisi sito-specifica. L'analisi globale ci ha permesso di identificare possibili profili di adattamento alle condizioni bioclimatiche che caratterizzano l'areale di *Pinus* spp. I risultati dell'analisi hanno mostrato l'esistenza di tre *cluster* diversi per *P. pinea* e quattro *cluster* per *P. nigra*, presenti in Italia, Croazia e Slovenia. Inoltre, un dato ancora più interessante è la presenza di un'associazione tra alcune varianti alleliche e i valori medi dei 12 indicatori bioclimatici considerati per queste analisi: 39 SNP per *P. pinea* e 14 per *P. nigra* (come riportato nella *deliverable Action B1: Production of*

maps of spatial distribution of genetic diversity and of correlation between allele distribution and environmental variation). La presenza di queste associazioni potrebbe rappresentare il genotipo di adattamento basale dei *Pinus* spp. diffusi nell'areale dell'Europa centrale. È stato particolarmente interessante individuare alcune varianti alleliche specifiche del sito associate agli indicatori bioclimatici. La presenza di queste varianti alleliche potrebbe essere correlata all'adattamento locale piuttosto che regionale. Nell'analisi di associazione ambientale (*EAA Environmental Analysis Associates*) è importante tenere conto della struttura genetica neutrale (Rellstab *et al.*, 2015), poiché la struttura genetica neutrale può produrre schemi simili a quelli derivanti da processi non neutrali (Excoffier e Ray 2008; Excoffier *et al.*, 2009; Sillanpää, 2011). La struttura genetica delle popolazioni è stata analizzata utilizzando due approcci distinti: *clustering bayesiano* utilizzando STRUCTURE (Pritchard *et al.*, 2000) e *clustering bayesiano* spaziale utilizzando il software GENELAND (Guillot 2008). Per *P. pinea*, abbiamo trovato un numero basso di varianti alleliche correlate, in ogni sito analizzato. Abbiamo osservato che il Sito 09 - Fossacci, presentava il più alto numero di SNP associati con gli indicatori bioclimatici (20 SNP). La presenza di queste varianti alleliche associate agli indicatori bioclimatici che meglio caratterizzano l'ambiente locale è importante per l'adattamento. Nonostante il più alto numero di SNP osservati per il Sito 09 - Fossacci, la struttura genetica spaziale che caratterizza questa popolazione è semplificata (1 *cluster*). Invece, come riportato in figura 4.3.3, abbiamo osservato una struttura genetica spaziale più complessa ed un elevato numero di SNP nel Sito 31 - Mljet.

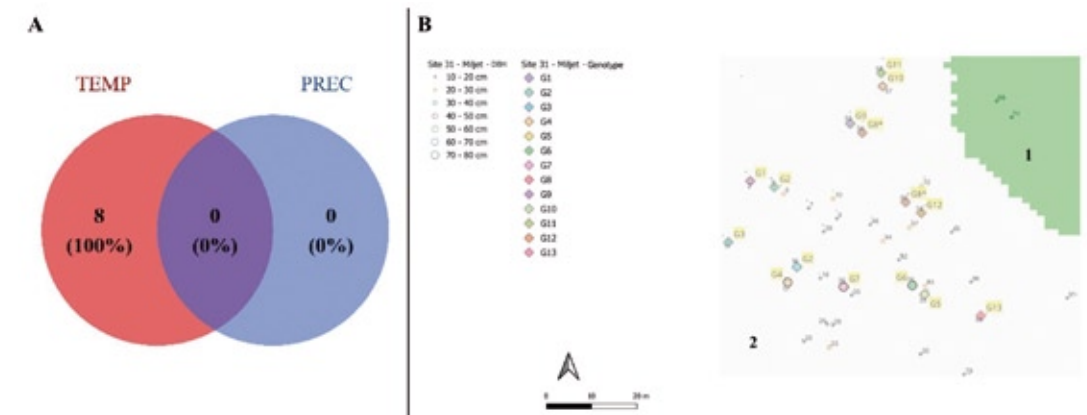


Figure 4.3.3. Risultati dell'analisi LFMM (*Latent Factor Mixed Models*) e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 31 - Mljet. (A) Il diagramma di Venn mostra la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell'analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 2 *cluster* (risultati GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori identici significano genotipi identici.

Sulla base dei risultati ottenuti, è possibile ipotizzare che la stimolazione della rinnovazione naturale di *P. pinea* potrebbe produrre buoni risultati in termini di diversità genetica e di adattamento delle popolazioni ai futuri cambiamenti climatici. La presenza di un elevato numero di SNP associati agli indicatori bioclimatici in questi siti potrebbe essere correlata alla struttura genetica neutrale osservata (Aravanopoulos, 2018; Paffetti *et al.*, 2012; Stiers *et al.*, 2018).

Per *P. nigra* è stata osservata una situazione completamente diversa. Confrontando i siti gestiti con quelli non gestiti, abbiamo osservato una struttura genetica spaziale generalmente complessa con un numero ridotto di SNP correlati. Il Sito 18 - Brač (Figura 4.3.4) e il Sito 22 - Mlake, hanno riportato i valori più alti di diversità genetica adattativa.

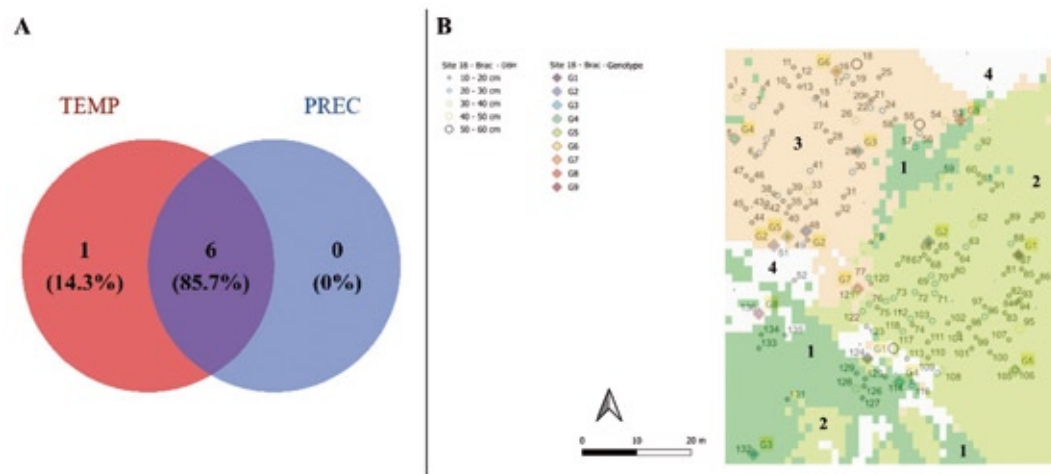


Figure 4.3.4. Risultati dell'analisi LFMM e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 18 - Brač. (A) Il diagramma di Venn mostra la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell'analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 4 cluster (risultati GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori identici significano genotipi identici.

La presenza di varianti alleliche associate agli indicatori bioclimatici che caratterizzano l'ambiente locale è cruciale. Abbiamo riscontrato che i siti gestiti presentavano il maggior numero di SNP correlati con questi indicatori. Sulla base dei risultati, si può ipotizzare che la stimolazione della rinnovazione naturale di *P. nigra* possa migliorare la diversità genetica e l'adattamento delle popolazioni ai cambiamenti climatici futuri. Tipi di gestione meno impattanti, come il taglio a scelta colturale, sembrano generare popolazioni con molte varianti alleliche associate alla risposta ambientale. Nei popolamenti non gestiti, invece, si osserva una struttura genetica semplificata e un basso numero di SNP correlati. I risultati di questo studio potrebbero essere strumentali nella pianificazione selvicolturale, dove la conoscenza della variabilità genetica da una prospettiva adattativa può supportare i processi decisionali. Ciò è importante per preservare le attuali risorse genetiche forestali e arricchire i soprassuoli esistenti con genotipi potenzialmente favorevoli.

4.4 Modello GenBioSilvi

Roberta Ferrante^{1,2}, Cesare Garosi¹, Cristina Vettori^{1,3}, Davide Travaglini¹, Donatella Paffetti¹

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze (UNIFI), Italia

² NBFC, National Biodiversity Future Center, Italia

³ Istituto di Bioscienze e Biorisorse (IBBR), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Italia

L'importanza di tutte le specie negli ecosistemi forestali non può essere sottovalutata; dai funghi, ai piccoli mammiferi, agli invertebrati, ognuna di queste specie svolge un ruolo vitale nel mantenere la produttività della foresta e il funzionamento dell'ecosistema. La conservazione della biodiversità forestale è essenziale per sostenere processi ecologici come la decomposizione, i cicli dei nutrienti e idrologici, la successione e la rinnovazione naturale, promuovendo così la stabilità dell'ecosistema. Per garantire la qualità della biodiversità, è fondamentale proteggere o migliorare gli intricati modelli e processi che favoriscono l'eterogeneità all'interno degli ecosistemi forestali (Spanos *et al.*, 2007). La perdita di biodiversità si sta verificando su scala locale, regionale, nazionale e globale (Fussi *et al.*, 2016). Questo declino è determinato principalmente dalle attività antropiche e dai cambiamenti climatici, soprattutto attraverso fattori quali la distruzione degli habitat, la riduzione delle popolazioni di specie, l'eccessivo sfruttamento delle risorse, l'introduzione di specie invasive e l'aumento di eventi climatici estremi (Hoban *et al.*, 2020).

La conservazione della biodiversità è uno degli obiettivi principali della selvicoltura ecologicamente sostenibile. A questo proposito, è necessario sviluppare un modello predittivo per la Gestione Forestale Sostenibile. L'obiettivo del progetto LIFE SySTEMic è quello di sviluppare indicatori genetici e forestali in diversi tipi di foreste europee (EFT) per implementare il modello predittivo per la Gestione Forestale Sostenibile, ovvero il modello GenBioSilvi. Questo modello è stato progettato per integrare molteplici indicatori, tra cui la diversità genetica, la struttura forestale, il legno morto, la diversità del suolo e le varie forme di microhabitat arborei (si veda *deliverable Action B2 GenBioSilvi model*).

Questi indicatori sono calcolati per ogni specie inclusa nel progetto. In questo capitolo ci concentreremo in particolare su *Pinus* spp. Combinando questi diversi indicatori, il modello GenBioSilvi mira a fornire uno strumento completo per la gestione sostenibile delle foreste, supportando gli ecosistemi forestali nella risposta ai cambiamenti climatici.

Diversi studi hanno dimostrato che *Pinus pinea* L. presenta una variabilità genetica significativamente inferiore rispetto ad altre specie di conifere (Vendramin *et al.*, 2008, Carrasquinho *et al.*, 2013, Sáez-Laguna *et al.*, 2014, Mutke *et al.*, 2019). Questa ridotta variabilità genetica è in parte attribuita ai colli di bottiglia della popolazione e al limitato flusso genico, nonché alla propagazione clonale della specie e alla sua distribuzione disomogenea nella regione mediterranea. Nonostante questa bassa diversità genetica, *P. pinea* mostra un'elevata plasticità fenotipica, che permette l'adattamento a varie condizioni ambientali attraverso alcuni meccanismi come le modifiche epigenetiche. Sulla base dei risultati ottenuti, possiamo ipotizzare che vi sia una bassa diversità genetica in tutti i siti, ma non possiamo concludere che vi sia una diversità genetica significativa tra i siti, anche se questi differiscono per tipo di gestione. In questo progetto, abbiamo studiato tre foreste gestite (taglio raso con rinnovazione artificiale posticipata, tagli successivi a gruppi e taglio scelta). Attraverso l'analisi della diversità genetica basata sui dati SSR, abbiamo osservato che tutti i siti erano caratterizzati da una struttura genetica spaziale semplificata (1 o 2 cluster). Ciò può essere attribuito alla bassa diversità genetica che caratterizza *P. pinea*, come riportato in bibliografia.

Nonostante la bassa diversità genetica ottenuta dai dati SSR come riportato nel *deliverable Action B2 GenBioSilvi model*, abbiamo riscontrato una significativa diversità genetica tramite gli SNP nei geni associati alla risposta agli stress abiotici. In particolare, il Sito 09 - Fossacci ha evidenziato i valori più alti di diversità genetica adattativa.

La presenza di queste varianti alleliche associate agli indicatori bioclimatici che meglio caratterizzano l'ambiente locale è importante. In questo caso, il Sito 09 - Fossacci ha presentato un maggior numero di SNP correlati con indicatori bioclimatici.

Sulla base dei risultati ottenuti, è possibile ipotizzare che la stimolazione della rinnovazione naturale di *P. pinea* possa produrre buoni risultati in termini di diversità genetica e di adattamento delle popolazioni ai futuri cambiamenti ambientali.

La struttura dei popolamenti è un elemento chiave nella valutazione delle funzioni e dei servizi ecologici negli ecosistemi forestali. Per descrivere la biodiversità, abbiamo osservato i dati dendrometrici per definire la struttura forestale dei siti analizzati. Grazie a questi dati, possiamo ritenere che la migliore struttura osservata sia quella caratteristica di una foresta multi-stratificata con presenza di rinnovazione. Queste caratteristiche sono state riscontrate in tutti i siti gestiti, ad eccezione del Sito 15 - Zara. La popolazione di pino domestico analizzata presenta uno strato di rinnovazione che varia da poco sviluppato a consistente e uno strato più diffuso di alberi adulti. Un popolamento forestale disetaneo multi-stratificato favorisce la rinnovazione naturale, poiché presenta gap nella copertura che creano condizioni ideali per l'insediamento spontaneo della rinnovazione. Inoltre, una foresta pluristratificata aumenta la probabilità di presenza di specie sporadiche. Una foresta caratterizzata da una struttura verticale pluristratificata consente un'elevata dispersione di polline, promuovendo la diversità genetica. Il legno morto svolge ruoli funzionali cruciali, ad esempio nel ciclo dei nutrienti e come serbatoio di carbonio. La presenza di legno morto può favorire la germinazione e lo sviluppo di piantine di specie arboree, contribuendo così al rinnovamento della foresta. Per quanto riguarda la quantità di legno morto, la situazione migliore si osserva nei siti non gestiti. Il Sito 09 - Fossacci ha mostrato un volume maggiore di legno morto. In passato, i detriti di legno morto nei siti gestiti venivano prontamente rimossi per motivi di sicurezza (proliferazione di patogeni, pericolo di incendi) ed erano sinonimo di cattiva gestione. Il legno morto fornisce un microhabitat importante per lo sviluppo e la conservazione di specie importanti per l'ecosistema forestale. Oltre al legno morto, abbiamo osservato altri indicatori relativi ai microhabitat saproxilici. La frequenza di microhabitat epixilici è inferiore a quella saproxilica in tutte le popolazioni osservate. Gli epixilici sono utilizzati come indicatori per valutare le condizioni dell'ecosistema. La presenza di questi microhabitat è un'importante fonte di biodiversità. Sulla base dei risultati ottenuti, i tipi di gestione che consentono strutture forestali complesse, caratteristiche di popolamenti disetanei e multi-stratificati, aumentano la probabilità di osservare diverse forme di microhabitat.

Il *Pinus nigra* J.F. Arnold è stato comunemente utilizzato per il rimboschimento di aree con suoli difficili e condizioni climatiche avverse (Dias *et al.*, 2020). Sulla base dei risultati riportati nel *deliverable Action B2 GenBioSilvi model*, è stata osservata un'alta diversità genetica in tutti i siti; tuttavia, non è possibile concludere che ci siano significative differenze nella diversità genetica tra di essi, nonostante i diversi tipi di gestione. In questo progetto abbiamo studiato due foreste gestite (taglio a scelta) e una foresta non gestita. Attraverso l'analisi della diversità genetica basata sui dati SSR, abbiamo osservato che il sito non gestito è caratterizzato da una struttura genetica spaziale semplificata (2 cluster). Ciò può essere attribuito al tipo di gestione che influenza il potenziale di rinnovazione. Inoltre, abbiamo osservato un'elevata diversità genetica osservando gli SNP nei geni candidati per la risposta agli stress abiotici. In particolare, il Sito 22 - Mlake, ha riportato i valori più alti di diversità genetica adattativa. La presenza di queste varianti alleliche associate agli indicatori bioclimatici che meglio caratterizzano l'ambiente locale è cruciale. Nei siti gestiti, abbiamo osservato il maggior numero di SNP correlati con tali indicatori. Sulla base dei risultati ottenuti, è possibile ipotizzare che la stimolazione della rinnovazione naturale di *P. nigra* possa produrre buoni risultati in termini di diversità genetica e di adattamento delle popolazioni ai futuri cambiamenti ambientali. I siti analizzati presentano una distribuzione unimodale delle classi di diametro e una struttura verticale mono-bi stratificata, priva di rinnovazione della specie *target*. In particolare, c'è un'abbondanza di rinnovazione di specie non *target* (latifoglie) in tutti i siti. Queste caratteristiche sono state osservate in ogni sito studiato. Per quanto riguarda la quantità di legno morto, il maggior volume è stato osservato nei siti non gestiti, con il Sito 22 - Mlake che ha registrato il volume più elevato. Oltre al legno morto, abbiamo osservato altri indicatori relativi ai microhabitat saproxilici. Abbiamo osservato due scenari distinti nei siti gestiti: nel Sito 22 - Mlake, la frequenza dei microhabitat epixilici è inferiore a quella dei microhabitat saproxilici, mentre nel Sito 18 - Brač, la frequenza dei microhabitat saproxilici è inferiore a quella dei microhabitat epixilici. Gli epixilici sono utilizzati come indicatori per valutare le condizioni dell'ecosistema. La presenza di questi microhabitat è un'importante fonte di biodiversità. Sulla base dei risultati ottenuti, il sito gestito secondo il sistema di gestione a scelta colturale aumenta la probabilità di osservare diverse forme di microhabitat. In

generale, tutti i siti analizzati siano popolamenti monospecifici di pino nero. Tuttavia, il Sito 22 - Mlake ha presentato il maggior numero di specie non *target* con una forte rinnovazione. Il pino nero è una specie consociata con altre specie che mostrano una crescita ottimale nelle stesse condizioni (*Quercus ilex* L., *Quercus cerris* L. e *Pinus halapensis* Mill.).

Lo sviluppo della scheda per *P. nigra* e *P. pinea* non è stato effettuato a causa del numero insufficiente di siti. Questa limitazione non ha permesso di rappresentare e differenziare adeguatamente scenari multipli, essenziali per catturare la biodiversità di queste specie in modo completo e accurato.

Analogamente, *Pinus pinaster* Aiton è stato analizzato all'interno del genere *Pinus* seguendo le stesse metodologie utilizzate per *P. nigra* e *P. pinea*. Tuttavia, la presenza limitata di siti disponibili ha reso difficile ottenere risultati statisticamente significativi.

4.5 Raccomandazioni per una Gestione Forestale Sostenibile

Davide Travaglini¹, Francesca Logli², Miran Lanščak³

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze (UNIFI), Italia

² Ente Parco Regionale Migliarino, San Rossore, Massaciuccoli, Pisa, Italia

³ Croatian Forest Research Institute, Croatia

Pinus pinea L.

Il pino domestico (*Pinus pinea* L.) è una specie mediterranea diffusa dalla costa atlantica portoghese alle coste del Mar Nero e alle pendici del Monte Libano (Quézel e Médail, 2003). Le aree di distribuzione più importanti si trovano in Spagna (470.000 ha), Portogallo (80.000 ha), Turchia (50.000 ha) e Italia (46.000 ha). Più della metà di questa superficie è frutto di rimboschimento (Martinez *et al.*, 2004).

In Italia, le pinete di pino domestico caratterizzano il paesaggio costiero da circa cinque secoli. In Toscana, i pini domestici sono stati piantati per stabilizzare i terreni sabbiosi costieri dopo le opere di bonifica, iniziate dal Granducato dei Medici nel XVI sec. e proseguite nel XVIII e XIX sec. sotto la famiglia Lorena. Da allora, le pinete hanno prodotto importanti beni e servizi che hanno contribuito allo sviluppo socio-economico della zona costiera e al benessere degli abitanti. Le pinete hanno stabilizzato le dune e protetto i terreni agricoli dai venti marini; hanno fornito prodotti legnosi che, in alcune aree, continuano a essere trasformati in cippato; hanno prodotto pinoli, un prodotto molto apprezzato dall'industria alimentare che ha affrontato una crisi in Italia con la comparsa della cimice dei pini (*Leptoglossus occidentalis* Heidemann) nel 1999; hanno sostenuto la produzione di altri prodotti non legnosi come la trementina e il tartufo; hanno offerto pascoli e ripari per ovini e bovini (Del Perugia *et al.*, 2017).

Le pinete costiere forniscono habitat importanti per la conservazione di specie vegetali e animali di interesse naturalistico e per questo motivo sono spesso incluse nei siti della rete Natura 2000. Queste formazioni forestali, nel corso dei secoli, hanno svolto e continuano a svolgere funzioni storico-culturali, sociali e paesaggistiche sempre più significative, perché hanno contribuito ad attrarre attività turistico-ricreative.

La funzionalità e la persistenza delle pinete di pino domestico sono tuttavia minacciate da aversità biotiche e ambientali. L'erosione costiera è una minaccia per le pinete che si affacciano sulla costa. Dove il fenomeno è intenso, la prima area di erosione è la fascia protettiva del pino marittimo con conseguente esposizione della chioma del pino domestico ai venti marini che ne provocano il disseccamento, seguito dal deperimento diretto degli alberi stessi. L'erosione può anche portare all'infiltrazione di acqua marina nel suolo e alla salinizzazione della falda friatica, causando stress alla pineta e al sottobosco, soprattutto nelle aree interdunali. I canali di bonifica, se non sono mantenuti in modo efficiente, non riescono a regolare correttamente il deflusso dell'acqua e nei periodi di pioggia l'acqua

stagnante può accumularsi, causando un ulteriore stress al suolo forestale. Questi elementi rendono il sistema pineta-macchia mediterranea particolarmente vulnerabile all'attacco di parassiti. Le principali fitopatologie includono *Tomiscus destruens* Woll, responsabile del degrado delle pinete, la già citata cimice dei pini, responsabile del crollo della produzione di pinoli, la cocciniglia tartaruga *Toumeyella parvicornis* (Hemiptera: Coccidae) (Garonna *et al.*, 2018), e *Heterobasidion irregulare* Garbel. & Orosina, agente del marciume radicale dei pini (Gonthier *et al.*, 2015).

I popolamenti di pino domestico sono tra gli ecosistemi più vulnerabili ai cambiamenti climatici e l'attuale aumento della frequenza della siccità nel bacino del Mediterraneo ha dimostrato di avere un impatto negativo sul loro insediamento a lungo termine (Mazza e Manetti, 2013; Piraino 2020; Mechergui *et al.*, 2021). Inoltre, il rischio di incendi lungo la costa è elevato, soprattutto in estate.

I popolamenti di pino domestico sono prevalentemente di origine artificiale e di solito presentano strutture coetanee con un periodo di rotazione, che varia tra 80 e 120 anni a seconda del sito. La gestione tradizionale dei soprassuoli coetanee di *Pinus pinea* L. si basa sul taglio raso, mantenuto fino alla fine del decennio del 1970 (Calama *et al.*, 2017) e poi sostituito con i tagli successivi uniformi per ottenere un sistema di rinnovazione *close to nature* (Pardos *et al.*, 2015; Calama *et al.*, 2017; Mechergui *et al.*, 2021). Tuttavia, il taglio a scelta colturale, basato sulle classi di diametro, è abbastanza diffuso nelle strutture complesse (Barbeito *et al.*, 2008; Pique-Nicolau *et al.*, 2011).

In Italia, il sistema di gestione forestale delle pinete di pino domestico è ancora basato sul taglio raso con rinnovazione artificiale posticipata utilizzata per ottimizzare la produzione di semi e/o legno. Oggi si ritiene che questo sistema riduca la qualità ambientale e paesaggistica e sia spesso causa di conflitti, soprattutto nelle aree e nei paesaggi protetti. Questo è uno dei motivi alla base della mancanza di una gestione attiva delle pinete costiere di pino domestico negli ultimi decenni, che ha portato proprietari e gestori forestali a richiedere nuovi modelli selvicolturali (Del Perugia *et al.*, 2017; Portoghesi *et al.*, 2022).

Nel Sito 09 - Fossacci, è presente un popolamento coetaneo di *Pinus pinea* L. di 103 anni con rinnovazione naturale di pino (Figura 3.5.1). La densità di individui della rinnovazione naturale del pino variava tra 362 alberi/ha nel Sito 09C e 688 alberi/ha nell'area del Sito 09A. La maggior parte della rinnovazione è rappresentata da piantine (> 80% in tutti le aree) e il resto da novellame (Travaglini *et al.*, 2022). I nostri risultati mostrano che la rinnovazione naturale di *P. pinea* nel Parco di San Rossore è un obiettivo raggiungibile, ma è necessaria una gestione adeguata.



Figura 4.5.1. Sito 09B - Fossacci, rinnovazione naturale di *Pinus pinea* L.

Secondo Calama *et al.*, (2013) le condizioni fotosintetiche più favorevoli per la dispersione dei semi di pino domestico, la germinazione e l'affermazione della rinnovazione, si ottengono nelle posizioni di mezz'ombra, appena sotto l'area della chioma, almeno nelle fasi iniziali del processo di rinnovazione, anche se gli alberi adulti dovrebbero essere progressivamente rimossi per liberare i giovani pini quando le loro esigenze di luce aumentano. L'aggregazione della rinnovazione all'interno o in prossimità dell'area di incidenza della chioma si spiega anche con la limitata capacità di dispersione dei semi del pino domestico (Barbeito *et al.*, 2008).

Gli studi di Manso *et al.*, (2014) e Calama *et al.*, (2017) riportano che le pratiche di gestione di soprassuoli coetanee (utilizzate per i tagli successivi uniformi), possono essere alla base dell'incapacità di sostenere la rinnovazione naturale nei popolamenti di pino domestico, in particolare a causa delle basse densità dei popolamenti e delle grandi dimensioni delle lacune che si verificano durante il periodo di rinnovazione. Infatti, a causa dell'incapacità di disperdere i semi negli ampi spazi vuoti creati dalle gestioni intensive e dai tagli secondari, è possibile osservare ampie aree senza rinnovazione, anche anni dopo l'abbattimento.

Pertanto, per garantire l'arrivo dei semi negli spazi vuoti, i programmi di diradamento dovrebbero puntare a densità di circa 125-150 alberi per ettaro all'inizio dei tagli di rinnovazione, e i tagli ad alta intensità (ad esempio, il sistema di tagli successivi uniformi) dovrebbero essere sostituiti da tagli più gradualmente (Calama *et al.*, 2017). Contemporaneamente, potrebbe essere necessario controllare la densità della vegetazione di sottobosco (Ciancio *et al.*, 1986). Tuttavia, come alternativa, in quelle località con abbondante rinnovazione affermata, si dovrebbe passare a una gestione disomogenea e pluristratificata anche per stimolare il flusso genico (Mechergui *et al.*, 2021).

Pinus nigra J.F. Arnold

Il pino nero (*P. nigra* J.F. Arnold) può essere suddiviso in cinque sottospecie: *P. nigra* J.F. Arnold subs *P. nigra*; *P. nigra* subsp. *Salzmannii* (Dunal) Franco; *P. nigra* subsp. *larico* (Poir.) Palib. Ex Maire; *P. nigra* subsp. *dalmatica* (Vis.) Franco; *P. nigra* subsp. *pallasiana* (Lamb.) Holmboe.

Il pino nero è una specie pioniera ed eliofila e, per queste caratteristiche, è stato utilizzato in progetti di rimboschimento per la protezione del suolo.

La selvicoltura del pino nero nei Paesi mediterranei varia dal taglio raso (a strisce o a buche) ai tagli successivi uniformi e a gruppi, e ai tagli a scelta colturale.

Il taglio raso con piantagione posticipata viene solitamente effettuato su 1-3 ettari. Tagli raso (a strisce o a buche) con rinnovazione naturale ottenuta per disseminazione laterale viene effettuato su piccole aree. La rinnovazione naturale per disseminazione è facilitata dalla combustione dei residui di lavorazione e dalla scarificazione prodotta sul terreno dal trascinarsi dei tronchi. In assenza di rinnovazione, si ricorre alla piantagione.

Quando sono utilizzati tagli successivi uniformi o a gruppi, la rinnovazione naturale avviene al riparo e sotto la protezione del popolamento adulto.

Il taglio a scelta a piccoli gruppi è stato descritto per *P. nigra* subsp. *larico* (Poir.) Palib. ex Maire in Calabria. Questo metodo ha contribuito al mantenimento di popolamenti puri di pino con strutture disetanee complesse in foreste private (Ciancio *et al.*, 2006).

Sulla base dei risultati del progetto LIFE SySTEMiC, i sistemi di gestione forestale basati sulla rinnovazione naturale del pino sono i più adatti a promuovere la diversità genetica e l'adattamento della foresta ai futuri cambiamenti ambientali.

Nel caso di rimboschimenti realizzati per la protezione del suolo, la rinaturalizzazione viene utiliz-

zata come approccio selvicolturale e gestionale che tende a favorire i processi evolutivi naturali attraverso la capacità del sistema di aumentare autonomamente la propria complessità e biodiversità (Nocentini, 2006).

***Pinus pinaster* Aiton**

Il pino marittimo (*P. pinaster* Aiton) è una specie pioniera ed esigente in termini di luce, che predilige i terreni silicei. Rispetto al pino domestico (*P. pinea* L.), il pino marittimo tollera meno bene la siccità, poiché ha un apparato radicale meno profondo. È una specie che fruttifica molto presto e si rinnova facilmente dopo gli incendi.

Il pino marittimo forma popolamenti puri in zone con suoli poveri, dove la pineta ha una struttura forestale pluristratificata. In altri casi, la rinnovazione della pineta è legata soprattutto al ripetersi degli incendi. Se la rinnovazione del pino avviene in abbondanza dopo un incendio, si formano pinete molto dense con una struttura coetanea.

Il pino di pino marittimo ha subito danni causati dal *Matsucoccus feytaudi* Ducasse, legati allo stress da siccità. Oltre al *Matsucoccus feytaudi* Ducasse, altri patogeni includono funghi come *Melampsora pinitorqua* e *Cronartium flaccidum*, lepidotteri del legno come *Dioroctria sylvestrella* e delle foglie come *Thaumetopea pityocampa*.

Le pinete di pino marittimo gestite con il taglio raso possono essere rinnovate naturalmente o artificialmente. La rinnovazione naturale può essere favorita bruciando i residui di utilizzazione contenenti le pigne, simulando l'azione di un incendio, ottenendo così giovani boschi molto densi. La rinnovazione artificiale può avvenire con l'uso di piantine o semi geneticamente migliorati. I giovani boschi, molto densi, richiedono cure colturali molto precoci, ad esempio 2-4 diradamenti tra i 4 e i 15 anni di età. Successivamente, vengono effettuati diradamenti graduali per evitare di isolare gli alberi, evitando il rischio di schianti. Il taglio raso (a strisce o a buche) con rinnovazione naturale per disseminazione laterale viene effettuato su piccole aree.

I tagli successivi a gruppi vengono utilizzati per rinnovare naturalmente la pineta sotto la protezione del soprassuolo maturo. Il taglio a scelta colturale può essere utilizzato con intervalli di 15-20 anni per ottenere strutture disetanee e più complesse.



5. GESTIONE FORESTALE SOSTENIBILE PER *QUERCUS* spp (*Quercus robur* L., *Quercus pubescens* Willd., *Quercus ilex* L.)

5.1 Introduzione

Miran Lanščak; Anđelina Gavranović Markić; Sanja Bogunović; Zvonimir Vujnović, Barbara Škiljan, Mladen Ivanković

Croatian Forest Research Institute (CFRI), Croatia

Quercus spp.

Le querce, appartenenti alla famiglia delle Fagaceae, sono alberi e arbusti che rivestono un ruolo ecologico fondamentale, occupando aree che vanno dall'emisfero settentrionale alle zone mediterranee semidesertiche e alle foreste pluviali subtropicali. Con oltre 600 specie diverse, le querce possono essere decidue o sempreverdi e sono monoiche. Simbolo di robustezza, forza e resilienza, la quercia è spesso definita il "re della foresta". Questi alberi si distinguono per le loro grandi dimensioni e la crescita lenta. Producono ghiande, racchiuse in una calotta a forma di coppa, che maturano nello stesso anno e contengono acidi tannici, proteggendole da funghi e insetti.

Quercus robur L. - Biologia e area di distribuzione

La farnia (*Quercus robur* L.) è una delle specie arboree più diffuse e pregiate d'Europa, che storicamente ha svolto un importante ruolo economico, sociale ed ecologico (Morić *et al.*, 2018). Secondo Klepac (1996), l'impatto ecologico dei boschi di farnia è stimato essere diverse volte superiore al loro impatto economico, con particolare attenzione alle loro funzioni antierosione e di regolazione idrogeologica.

Le farnie possono vivere oltre 1.000 anni e solitamente raggiungono un'altezza di 30-40 metri, eccezionalmente 50 metri, con un diametro fino a 2,5 metri. Hanno un'ampia chioma, spesso irregolare ma ben ramificata. La corteccia è liscia quando l'albero è giovane, ma con il tempo sviluppa fessure longitudinali e crepe trasversali. L'apparato radicale ha una robusta radice a fittone che penetra nel terreno fino a diversi metri di profondità, con radici laterali che si estendono verso l'esterno.

Le gemme sono ricoperte da scaglie marrone chiaro disposte a spirale, con la gemma terminale circondata da numerose gemme laterali più piccole. Le foglie hanno piccioli lunghi da 2 a 10 mm e dimensioni variabili tra 8 e 15 cm di lunghezza e 3-10 cm di larghezza. La base delle foglie può essere asimmetrica, arrotondata o auricolata. I fiori maschili si presentano in amenti lunghi da 2 a 5 cm, mentre i fiori femminili compaiono singolarmente o in gruppi di cinque. Le ghiande sono caratterizzate da strisce longitudinali e hanno dimensioni di 1,5-5 cm di lunghezza e 0,7-2,7 cm di larghezza (Franjić e Škvorc, 2010).

La farnia è una specie decidua e monoica. È anemofila, eliofila e presenta requisiti moderati di umidità (mesofila). Fiorisce tra aprile e maggio, mentre le sue ghiande maturano e cadono a terra tra settembre e ottobre, rappresentando il principale metodo di riproduzione. Diversi uccelli e mammiferi contribuiscono alla dispersione dei semi su distanze maggiori (Pasta *et al.*, 2016).

La farnia cresce in quasi tutta Europa, dalla Norvegia e dalla Svezia a nord, fino alle penisole iberica, appenninica e balcanica, e alla Turchia a sud (Pasta *et al.*, 2016), arrivando alla Scozia settentrionale. Si estende anche al Caucaso e all'Asia Minore, coprendo aree a nord e a est dell'areale della rovere. I terreni su cui prospera la farnia sono prevalentemente argillosi o sabbiosi e fertili, tipicamente umidi con alti livelli di falda acquifera. La farnia cresce spesso in comunità con il carpino e il frassino maggiore (Franjić e Škvorc, 2010). La farnia tollera bene l'inverno, sebbene le gelate tardive di primavera possano causare danni significativi alle foglie giovani, influenzando negativamente la crescita.



Inoltre, poiché i nutrienti del sistema radicale vengono utilizzati per lo sviluppo delle nuove foglie, un anno con gelate si traduce in una resa significativamente inferiore di ghiande. Inoltre, nel suo habitat, la farnia previene il ristagno idrico del terreno e contribuisce positivamente al sistema idrico del suolo, mantenendo l'equilibrio idrico attraverso il processo di traspirazione.



Figura 5.1.1. Areale di distribuzione della farnia (EUFORGEN 2009, www.euforgen.org).

Quercus pubescens Willd. - Biologia e area di distribuzione

La roverella (*Quercus pubescens* Willd.) è una delle specie arboree più diffuse in Europa a sud del Danubio, estendendosi dalla costa atlantica della Francia fino al Mar Nero, alla Crimea, al Caucaso e all'Asia Minore (Tutin *et al.*, 1993). Questa specie è altamente polimorfa, con numerosi taxa che si differenziano principalmente per alcune caratteristiche morfologiche (Franjić e Škvorc, 2010). Predilige aree più calde con climi mediterranei e submediterranei. La roverella si trova a diverse altitudini ed è la specie arborea dominante nelle foreste termofile e submediterranee dell'Europa sudorientale (Horváth *et al.*, 1974). Cresce su suoli asciutti e scheletrici, e nelle regioni interne preferisce le esposizioni più calde. Si presenta sia singolarmente sia in gruppi sparsi, boschetti e altri ambienti termofili (Franjić e Škvorc, 2010).

La roverella è un albero di medie dimensioni che può raggiungere i 20 metri di altezza e superare i 100 cm di diametro (Franjić e Škvorc, 2010). La corteccia è spessa, di colore grigio e profondamente fessurata. Le gemme sono piccole e di colore grigio-marrone. Le foglie sono alterne, ovato-allungate e lunghe fino a 10 cm. I fiori sono unisessuali: i fiori maschili si trovano in amenti, mentre quelli femminili sono solitari o raccolti in densi grappoli. I frutti si presentano in grappoli di 3-4 piccole ghiande su steli corti e pelosi, racchiuse da una cupola che copre da 1/2 a 1/3 della loro lunghezza (Pasta *et al.*, 2016). Fiorisce da marzo a maggio, ma il periodo di fioritura varia a seconda della quota. Le ghiande maturano nell'autunno dello stesso anno e, in condizioni favorevoli, possono germogliare immediatamente, risultando importanti per l'alimentazione animale (Pasta *et al.*, 2016). La roverella è una specie decidua, monoica, anemofila, xerotermica e calcifila (Franjić e Škvorc, 2010).



Figura 5.1.2. Areale di distribuzione della roverella (EUFORGEN 2009, www.euforgen.org).

Quercus ilex L. - Biologia e area di distribuzione

Quercus ilex L., il leccio o quercia sempreverde, è un albero o arbusto sempreverde a foglia larga originario del bacino del Mediterraneo, dove rappresenta la specie dominante nei boschi e nella vegetazione della macchia.

Il leccio può crescere fino a un'altezza di 20-27 metri (Schirone *et al.*, 2019) ed è rinomato per la sua resilienza e longevità, spesso vivendo per secoli (Gea-Izquierdo *et al.*, 2011; Praciak *et al.*, 2013). La corteccia è di colore nero-brunastro e presenta leggere fessure che formano piccole placche quadrate e sottili (Mitchell, 1974). Le foglie, verde scuro nella parte superiore e lanose nella parte inferiore, sono molto variabili in forma, tipicamente ovali o ovato-lanceolate, e misurano 3-8 cm di lunghezza e 2-4 cm di larghezza (Idžojić, 2009). I margini sono ondulati o sinuosi, ma possono essere dentati o spinosi nei giovani alberi. La fioritura avviene in aprile e maggio. Il frutto è una ghianda che matura in ottobre e novembre entro la prima stagione, di colore marrone e lunga 2,5 cm (Idžojić, 2013).

La distribuzione naturale del leccio copre l'intero bacino del Mediterraneo, distinguendosi in due sottospecie principali basate su variazioni morfologiche delle foglie: *Quercus ilex* subsp. *rotundifolia* (talvolta indicata come *Quercus ilex* subsp. *ballota* o come specie separata *Quercus rotundifolia*), che presenta foglie più lanceolate con 6-8 venature e si trova in Portogallo, nel sud e sud-est della Spagna e in Marocco; e *Quercus ilex* subsp. *ilex*, che ha foglie più ovate con 8-9 venature e si trova nelle restanti aree (Schwarz, 1993; Praciak *et al.*, 2013). Nelle regioni occidentali, come la penisola iberica, le coste atlantiche e mediterranee della Francia, la penisola italiana e le principali isole del Mediterraneo, il leccio forma grandi popolamenti puri. Nelle regioni orientali, tra cui le coste balcaniche, la Grecia, Creta, il Mar Nero e il Libano settentrionale, si trova più comunemente in popolamenti misti (Schirone *et al.*, 2019). Il leccio cresce a varie quote: da 100-140 m s.l.m. nell'area del Mar Nero fino a 400-600 m nel Mediterraneo, mentre in Marocco cresce fino ad altitudini di 2000-2600 m (Schirone *et al.*, 2019).

Il leccio cresce su vari tipi di suoli e in diversi climi del Mediterraneo, spaziando da condizioni semi-

aride a molto umide per quanto riguarda le precipitazioni, e da temperature calde a molto fredde ad alta quota, purché le precipitazioni rimangano basse (Barbero *et al.*, 1992). Tuttavia, nonostante la sua capacità di prosperare in ambienti diversi, i popolamenti puri di boschi di leccio stanno diventando sempre più rari a causa delle attività umane, come la deforestazione, l'urbanizzazione e l'espansione agricola nel corso dei secoli. La Tabella 5.1.1 riporta l'elenco dei siti per *Quercus* spp. del progetto LIFE SySTEMiC



Figura 5.1.3. Areale di distribuzione del leccio (EUFORGEN 2009, www.euforgen.org).

Tabella 5.1.1. Elenco dei siti per *Quercus* spp del progetto LIFE SySTEMiC.

Id	Nome sito	Paese	Specie	EFT*	Struttura	Sistema selvicolturale
10	Culatta	Itali	<i>Q. robur</i>	5.1	Disetanea	Non gestito
13	Nova Gradiška	Croazia	<i>Q. robur</i>	5.1	Coetanea	Tagli successivi uniformi
20	Pula	Croazia	<i>Q. ilex</i>	9.1	Coetanea	Tagli successivi uniformi
21	Črni kal	Slovenia	<i>Q. pubescens</i>	8.1	Coetanea	Tagli successivi a gruppi
28A	Krakovo (Managed)	Slovenia	<i>Q. robur</i>	5.1	Coetanea	Tagli successivi uniformi
28B	Krakovo (Reserve)	Slovenia	<i>Q. robur</i>	5.1	Disetanea/Non gestita	Non gestito

* EFT = European Forest Type: 5.1 Pedunculate oak-hornbeam forest; 8.1 Downy oak forest; 9.1 Mediterranean evergreen oak forest.

5.2 Struttura forestale, legno morto e microhabitat arborei

Davide Travaglini¹, Cesare Garosi¹, Francesco Parisi^{2,3}, Natalija Dovč⁴, Rok Damjanič⁴, Kristina Sever⁵, Andreja Gregorič⁵

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze (UNIFI), Italia

² Dipartimento di Bioscienze e Territorio, Università del Molise, Italia

³ NBFC, National Biodiversity Future Center, Italia

⁴ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

⁵ Slovenia Forest Service (SFS), Slovenia

La struttura forestale, legno morto e i microhabitat arborei sono stati rilevati in 6 siti (Figura 5.2.1).

In ogni sito è stata scelta un'area permanente con una struttura rappresentativa della gestione forestale. L'area di forma quadrata presentava un lato di 50 m (area di 2500 m²). Solo quando il numero di alberi della specie *target* (*Quercus* spp. con diametro a petto d'uomo > 2,5 cm) era inferiore a 30, veniva stabilita un'altra area nel sito, fino al raggiungimento del numero minimo di 30 alberi.

Protocolli dettagliati per il rilievo sul campo e l'elaborazione dei dati sono disponibili sulla pagina web di LIFE SySTEMiC <https://www.lifesystemic.eu>.

Q. robur L. è la specie arborea predominante (area basimetrica > 75%) nel Sito 28A - Krakovo (Ma-



Figura 5.2.1. Siti per *Quercus* spp.

naged), consociata con *Carpinus betulus* L. Nei Siti 10 - Culatta, 13 - Nova Gradiška e 28B - Krakovo (Reserve), *Q. robur* L. è spesso in associazione con *Fraxinus angustifolia* Vahl. (Sito 10 - Culatta), *Carpinus betulus* L. (Siti 13 - Nova Gradiška e 28A - Krakovo (Managed)) e altre specie arboree secondarie.

Q. pubescens Willd. è la specie arborea predominante nel Sito 21 - Črni Kal, consociata con *Fraxinus ornus* L. e altre specie arboree secondarie.

Q. ilex L. è la specie più frequente nel Sito 20 - Pula, consociata con *Q. pubescens* Willd. e *Laurus nobilis* L.

La distribuzione spaziale degli alberi nei siti è riportata nella Figura 5.2.2. La Figura 5.2.3 mostra la distribuzione del numero di alberi per classe di diametro in ciascun sito.

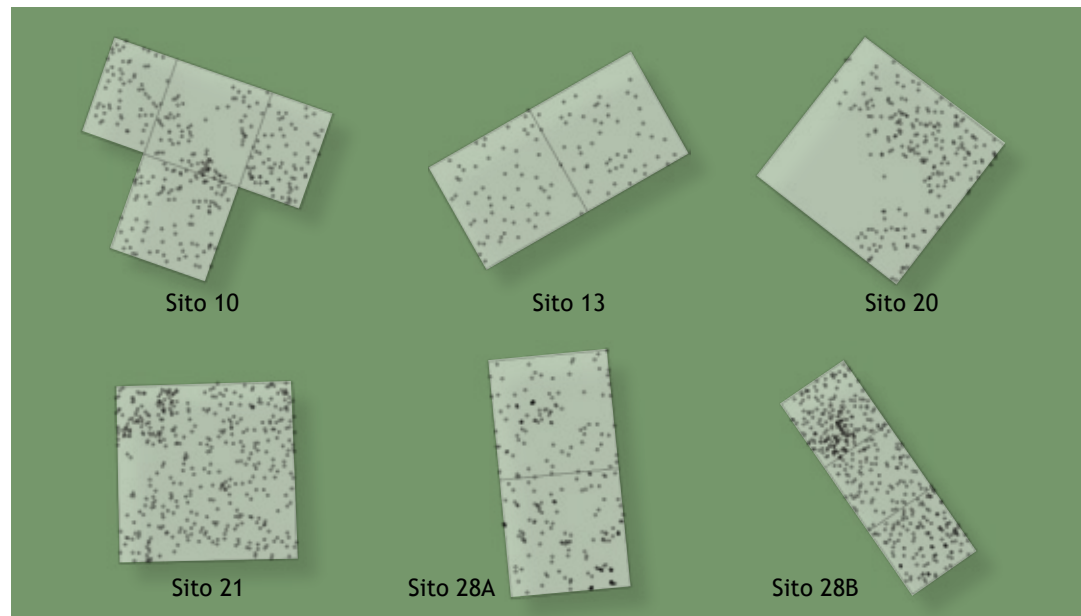


Figura 5.2.2. Distribuzione spaziale degli alberi nei siti.

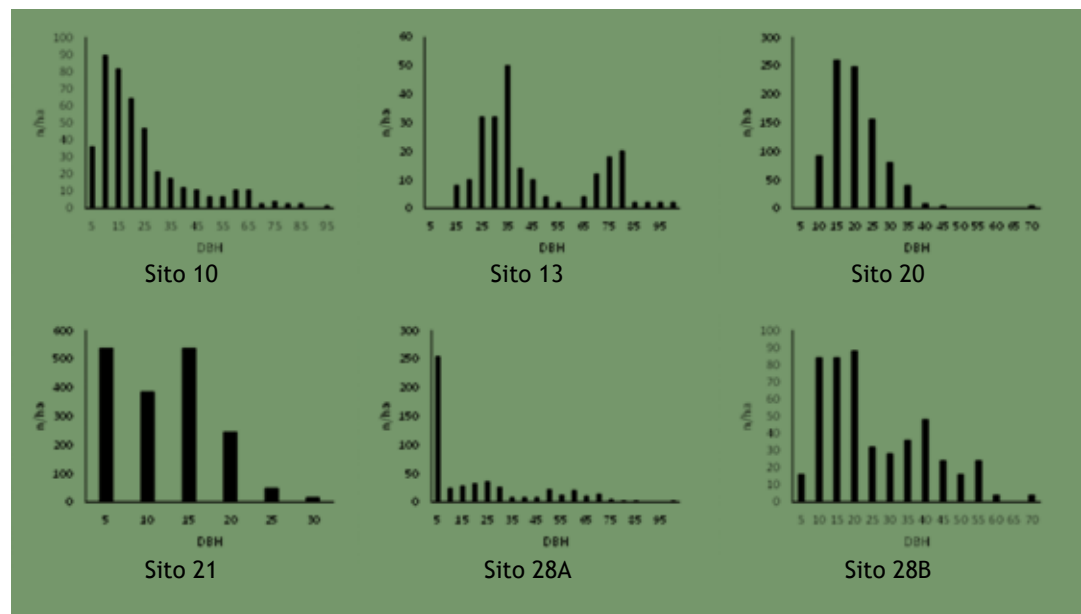


Figura 5.2.3. Distribuzione del numero di alberi per diametro nei siti.

Le variabili della struttura forestale sono riportate nella Tabella 5.2.1.

Nei soprassuoli esaminati di *Q. robur* L., l'area basimetrica variava tra 29 m²/ha e 43 m²/ha e il volume tra 371 m³/ha e 805 m³/ha. Nei popolamenti coetanei (Siti 13 - Nova Gradiška, 28A - Krakovo (Managed)), l'area basimetrica è di 40 m²/ha e il volume è di 674 m³/ha (valori medi). I soprassuoli non gestiti (Siti 10 Culatta, 28B - Krakovo (Reserve)) erano disetanei, l'area basimetrica è di 35 m²/ha e il volume è di 506 m³/ha (valori medi).

La diversità della struttura forestale, rappresentata dalla diversità delle dimensioni degli alberi (deviazione standard e coefficiente di variazione di DBH e altezze), è risultata più elevata nei soprassuoli non gestiti (CVDBH = 98,6%, CVH = 58,6%) rispetto ai soprassuoli gestiti coetanei (CVDBH = 78,4%, CVH = 53,9%).

L'area basimetrica e il volume nel popolamento di *Q. pubescens* Willd. (Sito 21 - Črni kal) e di *Q. ilex* L. (Sito 20 - Pula) erano rispettivamente di 24 m²/ha, 93 m³/ha, 34 m²/ha e 274 m³/ha.

Tabella 5.2.1. Variabili della struttura forestale nei siti. N=numero di alberi; BA=area basimetrica; V=volume; QMD= media quadratica del diametro (diametro dell'albero medio dell'area basimetrica); MH=altezza media (altezza dell'albero medio dell'area basimetrica); DH=altezza dominante (altezza media dei 100 alberi per ettaro con i diametri maggiori in caso di soprassuolo coetaneo e altezza media dei tre alberi più alti per ettaro in caso di soprassuolo disetaneo); SDDBH= deviazione standard del DBH; SDH= deviazione standard delle altezze totali degli alberi; CVDBH= coefficiente di variazione del DBH; CVH= coefficiente di variazione delle altezze totali degli alberi.

Id	N	BA	V	QMD	MH	DH	SDDBH	SDH	CVDBH	CVH
	n/ha	m ² /ha	m ³ /ha	cm	m	m	cm	m	%	%
10	427	29.0	370.7	29.4	22.8	38.2	17.7	8.1	75.0	47.3
13	224	42.8	805.1	49.0	31.3	33.8	21.9	6.7	49.6	23.4
20	892	33.5	274.3	21.9			7.3	1.7	35.5	12.1
21	1764	23.9	93.4	13.1	7.4	9.8	6.1	2.2	52.5	32.8
28A	512	35.6	542.3	29.8	27.2	38.0	21.8	13.5	107.2	84.4
28B	611	41.7	641.9	29.5	22.9	42.6	22.8	9.7	122.1	69.8

Per ogni sito, la quantità di legno morto è riportata nella Tabella 5.2.2. Nei popolamenti di *Q. robur* L., il volume totale del legno morto variava tra 13 m³/ha e 490 m³/ha. Nei popolamenti gestiti coetanei (Siti 13 - Nova Gradiška e 28A - Krakovo (Managed)), il volume totale del legno morto è stato di 18 m³/ha (valore medio), rappresentato per lo più da alberi morti in piedi (50%), altri pezzi di legno morto a terra (27%) e ceppaie (20%). I popolamenti non gestiti (Siti 10 - Culatta e 28B - Krakovo (Reserve)) presentavano la maggiore quantità di legno morto (272 m³/ha, valore medio), rappresentato da alberi morti a terra (49%), da *snag* (36%) e da altri pezzi di legno morto a terra (14%).

La quantità totale di legno morto nel popolamento di *Q. pubescens* Willd. (Sito 21 - Črni kal) e nel popolamento di *Q. ilex* L. (Sito 20 - Pula) è rispettivamente di 7 m³/ha e 16 m³/ha.

Tabella 5.2.2. Volume di legno morto nei siti.

Id	Alberi morti in piedi (inclusi snags) rizomorfi emanati	Alberi morti caduti a terra	Altri pezzi di legno morti caduti a terra	Ceppaie	Totale
	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha	m ³ /ha
10	7.5	11.2	34.3	1.6	54.6
13	13.3	0.5	4.8	4.1	22.7
20	6.8	5.4	0.8	2.8	15.8
21	4.1	2.3	0.1	0.2	6.7
28A	4.7	0.5	5.1	3.0	13.4
28B	190.4	257.0	42.3	0.2	489.9

L'abbondanza dei microhabitat arborei in ciascun sito, rappresentata come percentuale di forme di microhabitat, è riportata nella Figura 4.2.4. Come si può notare dalla figura, nei siti esaminati sono state rilevate quasi tutte le forme di microhabitat arborei.

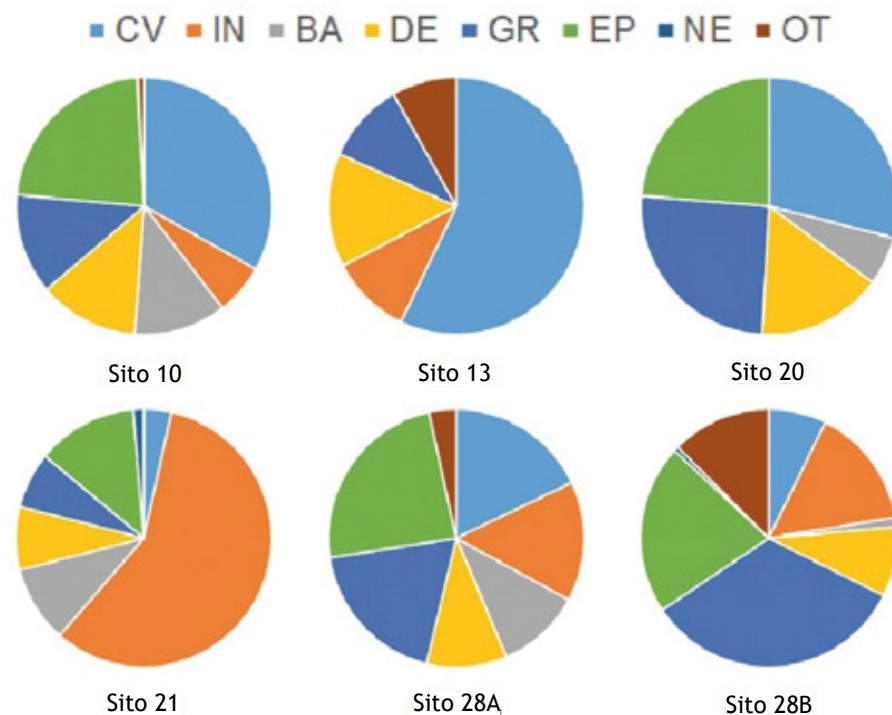


Figura 5.2.4. Microhabitat arborei nei siti (percentuale di forme di microhabitat) (CV = Cavità; IN = Ferite e lesioni; BA = Cortecchia; DE = Legno morto; GR = Deformazione / forma di crescita; EP = Epifite; NE = Nidi; OT = Altro).



Figura 5.2.5. Legno morto nel Sito 10 - Culatta.



Figura 5.2.6. Microhabitat arborei nel Sito 10 - Culatta.

5.3 Landscape Genomics

Cesare Garosi¹, Cristina Vettori^{1,2}, Marko Bajc³, Donatella Paffetti¹

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli studi di Firenze (UNIFI), Italia.

² Istituto di Bioscienze e Biorisorse (IBBR), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Italia

³ Slovenian Forestry Institute (SFI), Slovenia

La diversità genetica è fondamentale per la *fitness* e la sopravvivenza degli individui all'interno di una popolazione, ed è direttamente correlata alla capacità delle specie di adattarsi ad ambienti differenti (Balkenhol *et al.*, 2016). Le foreste, essendo gli ecosistemi più colpiti dalle attività umane, sono particolarmente vulnerabili alla perdita della diversità genetica e all'aumento della divergenza tra i pool genetici, con un impatto critico sulla sopravvivenza delle specie (Wade *et al.*, 2003; Degen *et al.*, 2021). Tuttavia, gli alberi, grazie alla loro elevata diversità genetica, all'ampio flusso genico e ai lunghi cicli vitali, possono mitigare gli effetti della frammentazione dell'habitat (Kramer *et al.*, 2008; Degen *et al.*, 2021). Comprendere le dinamiche ed i meccanismi dell'adattamento all'ambiente locale nelle popolazioni naturali fornisce le basi per prevedere le risposte ai cambiamenti ambientali, compresi quelli associati al cambiamento climatico globale. Si prevede che l'adattamento locale alteri le frequenze alleliche delle varianti alleliche che influenzano la *fitness* in particolari ambienti (Lefèvre *et al.*, 2014). *Q. robur* L., essendo una componente fondamentale delle foreste di latifoglie europee, si trova ad affrontare diverse sfide dovute alla frammentazione dell'habitat, ai cambiamenti climatici e ad altri fattori di stress (Ducousso e Bordacs, 2004; Degen *et al.*, 2021). Negli ultimi decenni, le foreste di querce peduncolate europee hanno dovuto affrontare numerose sfide, tra cui i ridotti contenuti idrici sotterranei, lo stress da siccità e gli effetti del cambiamento climatico, che hanno portato a un declino dello stato di salute, del tasso di crescita e della rinnovazione naturale (Kesic *et al.*, 2021; Degen *et al.*, 2021). Lo studio della diversità genetica delle popolazioni di farnia è essenziale per comprendere le loro risposte alla frammentazione dell'habitat, ai cambiamenti climatici e ad altre sfide ambientali.

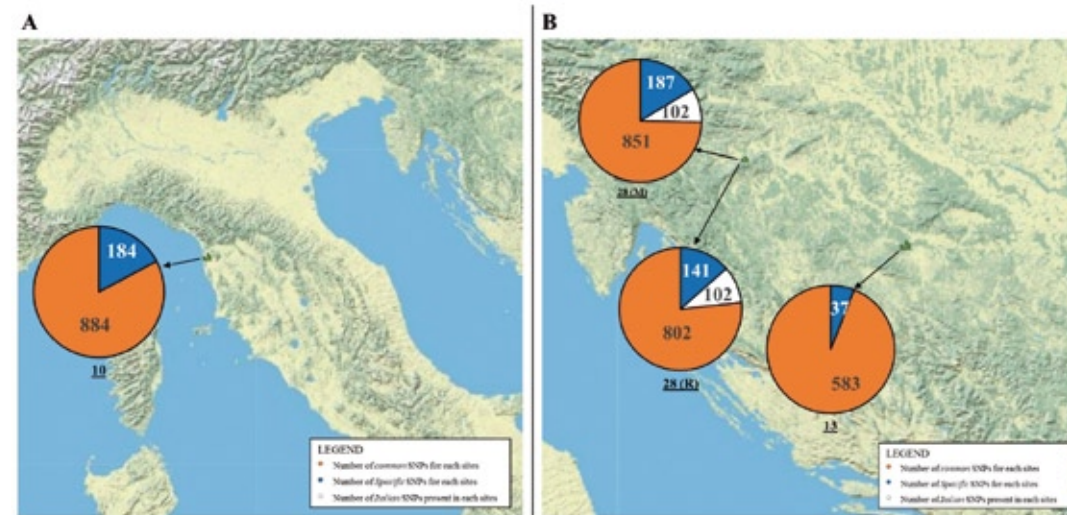


Figura 5.3.1. Road-map di *Quercus robur* L. Distribuzione degli SNP nei siti del progetto LIFE SySTEM-iC in Italia (A), Croazia e Slovenia (B). La figura riporta il numero di specifici sub-set di SNP, osservati in ogni sito di studio. La legenda riporta il tipo di dato suddiviso per colore. I colori rappresentano i seguenti sub-set: SNP presenti nel sito che sono comuni con almeno un altro sito (arancione), SNP specifici per il sito di studio (blu) e SNP presenti in quel sito che sono specifici per una nazione (bianco). Sotto ogni grafico viene riportato il numero identificativo del sito corrispondente (grassetto e sottolineato).

Queste conoscenze sono fondamentali per progettare strategie di conservazione efficaci e garantire la sopravvivenza a lungo termine di questa importante specie forestale (Kesic *et al.*, 2021). In questo contesto, la *Landscape Genomics* è emersa come un flessibile schema analitico per comprendere le interazioni tra eterogeneità ambientale e variabilità genetica adattativa nelle popolazioni naturali (Balkenhol *et al.*, 2016). In questo studio, abbiamo utilizzato approcci di *Landscape Genomics* per analizzare la diversità genetica neutrale e adattativa al fine di evidenziare possibili profili di adattamento locale nelle popolazioni analizzate. Pertanto, abbiamo osservato la possibile correlazione presente tra marcatori molecolari adattativi (*SNP Single Nucleotide Polymorphism*) ed indicatori bioclimatici. Inoltre, sono stati analizzati marcatori molecolari neutrali (*nSSR nuclear Simple Sequence Repeats*) come misura della variabilità genetica neutrale e della struttura delle popolazioni studiate. Sono stati genotipizzati ed analizzati polimorfismi a singolo nucleotide (SNP), utilizzando un approccio di *target re-sequencing* di regioni genomiche candidate, al fine di misurare la variabilità genetica adattativa della popolazione studiata (Figura 5.3.1). Come risultato del *target re-sequencing* di *Q. robur*, circa 1600 SNP sono stati identificati in 27 regioni genomiche rilevanti per la risposta a uno o più stress abiotici (risultati riportati nel *deliverable Action B1: SNP road-map of each study site*). Inoltre, come riportato in figura 5.3.1, abbiamo disegnato le *road-map* per ciascuna specie, al fine di osservarne la distribuzione spaziale tra tutte le popolazioni analizzate.

I siti analizzati, relativi alla specie *target Q. robur*, sono caratterizzati da due tipi di gestione: foresta non gestita (Siti 10 - Culatta, 28B - Krakovo (Reserve)) e foreste gestite a tagli successivi uniformi (Sito 13 - Nova Gradiška, 28A - Krakovo (Managed)). Osservando la Figura 5.3.1, tutte le aree sono caratterizzate da un elevato numero di SNP sito-specifici. Questo potrebbe essere interpretato come un indicatore di adattamento all'ambiente locale. È interessante anche la presenza di un insieme specifico di SNP nazionali nei siti situati in Slovenia. Questa prevalenza di SNP potrebbe essere interpretata come un segno di adattamento al regime bioclimatico dell'Europa centrale/continentale che caratterizza la regione slovena e la distingue dal clima più mediterraneo dell'Italia. Come indicato in bibliografia, l'analisi per individuare la traccia dell'adattamento locale nelle popolazioni naturali richiede numerosi passaggi analitici (Blanquart *et al.*, 2013). L'identificazione di loci aventi correlazioni significative con indicatori bioclimatici si rivela di grande utilità. Per ogni sito, sono stati selezionati dodici indicatori bioclimatici dalla bibliografia esistente (Flint *et al.*, 2013; Gugger *et al.*, 2016; Gugger *et al.*, 2021; Pluess *et al.*, 2016). Per identificare i modelli di adattamento locale delle specie *target*, abbiamo condotto analisi GEA (*Genotype-Environment Association*) su due livelli: globale e sito-specifico. L'analisi a livello globale ha permesso di individuare possibili profili di adattamento alle condizioni bioclimatiche caratterizzanti l'areale della quercia. I risultati dell'analisi hanno mostrato l'esistenza di quattro diversi genotipi presenti in Italia, Croazia e Slovenia. Inoltre, un dato ancora più interessante è la presenza di associazioni tra 42 varianti alleliche e i valori medi dei 12 indicatori bioclimatici considerati per queste analisi. La presenza di queste associazioni potrebbe essere interpretata come il genotipo di adattamento basale della quercia diffuso nell'areale dell'Europa centrale. Particolarmente interessante è stato trovare alcune varianti alleliche associate a un particolare Paese (Italia o Slovenia/Croazia) e a singoli siti. La presenza di varianti alleliche sito-specifiche associate a specifiche condizioni ambientali potrebbe essere connessa ad un profilo di adattamento locale piuttosto che regionale. Nell'analisi di associazione ambientale (*EAA Environmental Analysis Associates*) è importante tenere conto della struttura genetica neutrale (Rellstab *et al.*, 2015), poiché la struttura genetica neutrale può produrre schemi simili a quelli derivanti da processi non neutrali (Excoffier e Ray 2008; Excoffier *et al.*, 2009; Sillanpää, 2011). La struttura genetica delle popolazioni è stata analizzata utilizzando due approcci distinti: *clustering bayesiano* utilizzando STRUCTURE (Pritchard *et al.*, 2000) e *clustering bayesiano* spaziale utilizzando il software GENELAND (Guillot 2008). Osservando ciascun sito separatamente, abbiamo notato un risultato alquanto interessante riguardante il numero di SNP associati ad uno o più indicatori bioclimatici. Il numero più alto di associazioni tra varianti alleliche e indicatori bioclimatici (21 SNP), è stato riportato per il Sito 10 - Culatta (foresta non gestita; Figura 5.3.2). La presenza di un elevato numero di SNPs associati all'adattamento alle condizioni ambientali locali potrebbe essere correlata alla struttura genetica spaziale osservata per queste popolazioni (Aravanopoulos, 2018; Paffetti *et al.*, 2012; Stiers *et al.*, 2018). Infatti, alcuni studi hanno osservato come questi siti siano caratte-

rizzati da una complessa struttura genetica neutrale, contraddistinta da un elevato numero di *cluster* familiari. Questa grande variabilità può determinare una maggiore probabilità di comparsa di nuove varianti alleliche che potrebbero aumentare il potenziale adattativo di questa specie nei confronti dei cambiamenti climatici attuali e futuri.

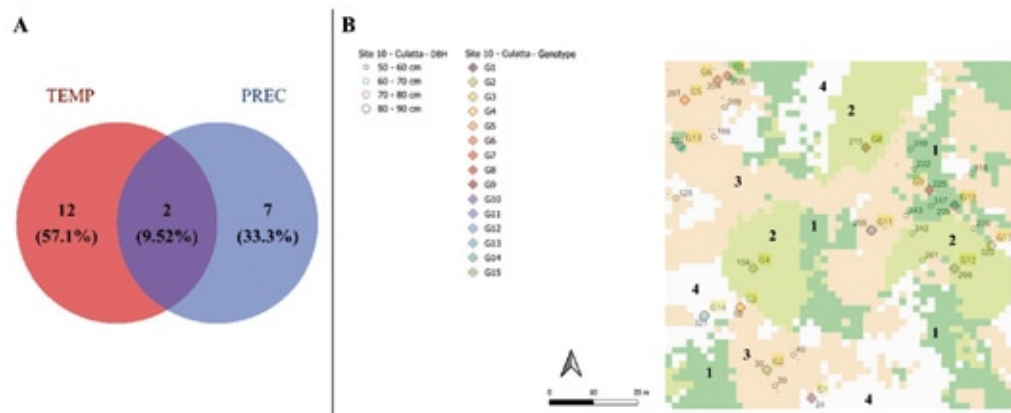


Figura 5.3.2. Risultati dell'analisi LFMM (*Latent Factor Mixed Models*) e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 10 - Culatta. (A) Diagramma di Venn raffigurante la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell'analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 4 *cluster* (risultati GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori identici significano genotipi identici.

Una situazione simile è stata osservata per il Sito 13 - Nova Gradiška (Figura 5.3.3). In questa popolazione non gestita, abbiamo osservato una struttura genetica spaziale complessa (semplificata rispetto al Sito 10 - Culatta) con un numero più basso di SNP associati a indicatori bioclimatici (9 SNP). Questo ridotto numero di SNP associati potrebbe essere spiegato anche dall'assenza di SNP specifici per il sito e dal minor numero di SNP specifici per la nazione che abbiamo osservato.

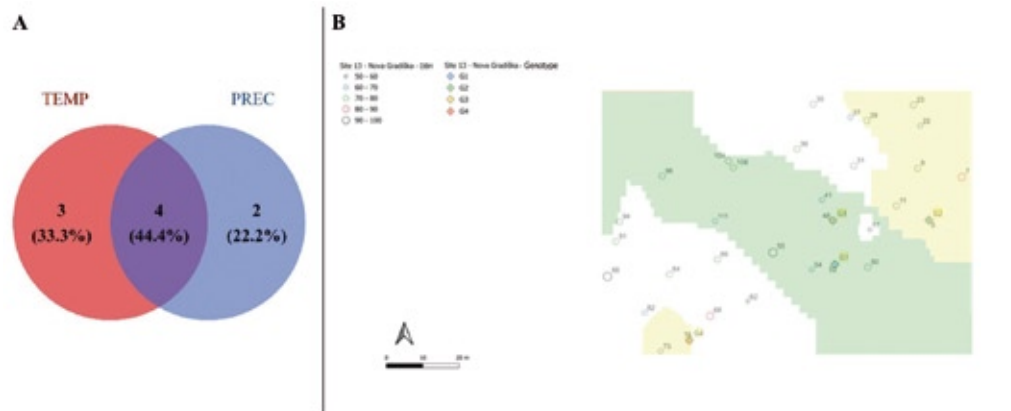


Figura 5.3.3. Risultati dell'analisi LFMM (*Latent Factor Mixed Models*) e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 13 - Nova Gradiška. (A) Diagramma di Venn raffigurante la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell'analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 3 *cluster* (risultati GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori identici significano genotipi identici.

Un dato interessante è il numero di varianti alleliche associate all'adattamento locale individuate nel Sito 28 - Krakovo (gestito) (Figura 5.3.3). In questo sito, gestito con un sistema a tagli successivi uniformi, abbiamo trovato un elevato numero di SNP associati (13) agli indicatori bioclimatici. Tuttavia, la struttura genetica spaziale osservata è semplificata rispetto ad altre situazioni osservate (2 *cluster*), come riportato nella Figura 5.3.4. Il numero di varianti alleliche osservate può essere un risultato dell'influenza della passata gestione selvicolturale sulla demografia della popolazione. Questo tipo di taglio è stato creato allo scopo di promuovere la rinnovazione naturale. Tuttavia, studi precedenti (Aravanopoulos, 2018; Brang *et al.*, 2014; Paffetti *et al.*, 2012; Stiers *et al.*, 2018) hanno dimostrato come la struttura genetica spaziale che caratterizza questi tipi di soprassuolo sia piuttosto semplice. La presenza di una struttura genetica spaziale semplice, infatti, potrebbe essere associata a un ridotto tasso di ricombinazione genica, riducendo così la possibilità di comparsa nuove varianti alleliche e favorendo l'*inbreeding*. Questo può portare ad alti livelli di omozigosi e depressione da *inbreeding*.

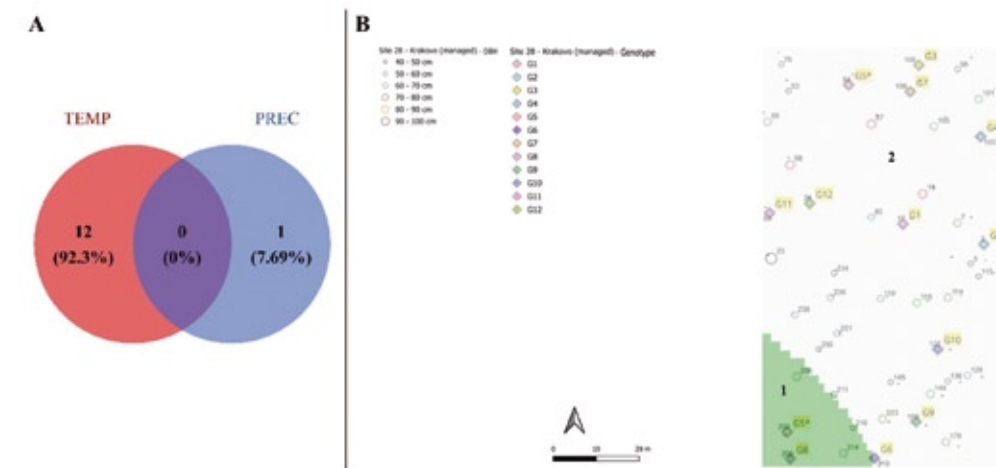


Figura 5.3.4. Risultati dell'analisi LFMM (*Latent Factor Mixed Models*) e mappa della distribuzione dei genotipi del Sito 28A - Krakovo (Gestito). (A) Diagramma di Venn raffigurante la sovrapposizione tra SNP associati a indicatori bioclimatici legati alla temperatura e alle precipitazioni, come risultato dell'analisi LFMM. (B) Distribuzione spaziale del genotipo e organizzazione spaziale in 2 *cluster* (risultati GENELAND). La mappa mostra gli individui presenti nel sito di studio (cerchio con bordo nero) e gli individui sequenziati. Questi ultimi sono caratterizzati da cerchi colorati in base al genotipo osservato. Colori identici significano genotipi identici.

La gestione delle foreste ad alto fusto per la produzione di legname è effettuata su querceti in Francia, in alcuni Paesi balcanici e in Germania. In Italia, le foreste ad alto fusto sono destinate ad aree protette. In Francia e Slovenia, il tipo di trattamento più comune è il sistema a tagli successivi uniformi e/o a gruppi. La farnia è una specie eliofila e poco competitiva che prospera in ambienti svantaggiosi dove le specie competitive sono meno attive. Le dinamiche di rinnovazione della farnia sono legate alla presenza di un sottobosco denso. L'assenza di rinnovazione di specie consociate favorisce la rinnovazione della *Q. robur*.

Tipi di gestione meno impattanti, come il taglio a scelta colturale, sembrano caratterizzare le popolazioni con un elevato numero di varianti alleliche associate alla risposta agli indicatori bioclimatici. Risultati simili sono stati osservati in popolamenti non gestiti e in foreste vetuste. I risultati riportati in questo studio potrebbero avere un ruolo fondamentale nella pianificazione della gestione selvicolturale, dove la conoscenza della variabilità genetica da una prospettiva adattativa potrebbe aiutare i processi decisionali. Inoltre, queste conoscenze potrebbero essere utilizzate anche in previsione di progetti di migrazione assistita. Ciò è importante per preservare le attuali risorse genetiche forestali, ma anche per arricchire il popolamento esistente con genotipi potenzialmente favorevoli.

5.4 Oidio della quercia

Natalija Dovč, Rok Damjanič, Hojka Kraigher

Slovenian Forestry Institute, Večna pot 2, 1000 Ljubljana, Slovenia

La farnia (*Q. robur* L.), una specie arborea fondamentale in Europa, sta affrontando un futuro incerto nelle foreste (quasi) naturali a causa delle sfide nella rinnovazione naturale. Uno dei principali fattori che contribuisce a questa incertezza è la presenza di una malattia fungina nota come oidio della quercia (complesso *Erysiphe alphitoides*). Questi funghi influenzano negativamente la tolleranza l'ombra e la crescita verticale delle piantine e del novellame, determinando una significativa riduzione della loro vitalità e competitività. Di conseguenza, la rinnovazione naturale sotto la chioma della quercia è spesso compromessa dalle infezioni da oidio (Demeter *et al.*, 2021).

Quando l'oidio della quercia infetta le foglie giovani, da queste si diffonderà a tutta la piantina, che apparirà "polverosa" e questo determinerà uno sviluppo irregolare o, in alcuni casi, il disseccamento completo. Questa proliferazione è particolarmente dannosa per il novellame, limitando la loro crescita e provocando una significativa mortalità. Rispetto alle foglie giovani, la patina polverosa sulle foglie adulte rimane confinata, causando danni moderati agli alberi maturi (Thomas *et al.*, 2002; Marçais e Breda, 2006). I funghi producono spore (conidi) che si disperdono facilmente via vento, gli insetti e gli schizzi d'acqua. Queste spore germinano e infettano nuovi tessuti vegetali, soprattutto in condizioni di elevata umidità e temperature moderate.

Nel contesto del progetto LIFE SySTEMiC, sono stati esaminati vari approcci per il controllo dell'oidio della quercia nel Sito 28 - Krakovo. Quest'area rappresenta la più vasta foresta alluvionale di pianura della Slovenia, prevalentemente dominata dalla farnia. La diffusa presenza dell'oidio della quercia costituisce uno dei principali ostacoli alla rinnovazione naturale nella zona.



Figura 5.4.1. Piantine di farnia infettate con l'oidio della quercia.

Lo scopo dello studio è valutare l'effetto della densità di impianto e delle diverse concentrazioni del bio-pesticida AQ-10 sull'infezione dell'oidio nelle piantine. L'esperimento è stato condotto in un'area recintata, seguendo il "Protocol for planting experiment: oak powdery mildew control protocol" in *Technical Manual* (Figura 5.4.1. e 5.4.2.).

Gli effetti della densità di impianto sono stati esaminati con due densità: circa 1100 e 4400 piantine per ettaro. Inoltre, gli effetti del controllo biologico sono stati valutati attraverso l'uso di due concentrazioni di AQ-10: metà della concentrazione raccomandata, l'intera concentrazione raccomandata, e un gruppo di controllo senza trattamento.

In tutti i tipi di trattamento, abbiamo valutato i tassi di mortalità e di crescita in altezza, mentre i tassi di infezione sono stati valutati visivamente utilizzando una scala a 5 punti. I nostri risultati non hanno mostrato differenze tra i vari trattamenti, né per quanto riguarda la crescita in altezza né per quanto riguarda la mortalità, che è stata in media compresa tra il 29,2% e il 31,9% in tutti i trattamenti dopo due anni. L'intensità dell'infezione si è rivelata una misura non idonea nel nostro caso perché, all'inizio della stagione vegetativa duran-

te l'irrorazione di bio-controllo, gran parte della superficie fogliare è già danneggiata o mancante a causa dei defogliatori (Figura 5.4.2.), il che ha impedito una valutazione affidabile. Più tardi nella stagione di crescita, le crescite di "lammas" (seconda e terza ondata a metà estate) hanno sostituito la maggior parte dell'area fogliare che si è sviluppata in primavera, lasciando l'area fogliare di nuova formazione non trattata. In base ai nostri risultati, il bio-fungicida AQ-10 non ha mostrato gli effetti desiderati contro l'oidio della quercia e la densità di impianto non ha avuto alcun impatto.

Nonostante i nostri risultati deludenti, rimane fondamentale esplorare vari metodi di protezione contro l'oidio della quercia, che vengono attuati principalmente nei vivai forestali. Attualmente sono disponibili diversi metodi per combattere la malattia, come fungicidi convenzionali a base di acido citrico, batteri o funghi antagonisti e trattamenti chimici commerciali come zolfo, bicarbonato di potassio, fosfito di potassio e acido salicilico, oltre agli sforzi per sviluppare una resistenza genetica (Turczanski *et al.*, 2023).

Un controllo efficace dell'oidio sulle piantine di farnia e sulle giovani piante di quercia è fondamentale per le aree di rinnovazione durante le fasi di taglio di rinnovazione. Le piante di quercia di uno o due anni ben consolidate tollerano bene l'oidio e il fungo non ostacola più la loro crescita (Pap *et al.*, 2012).

Gli sforzi di conservazione e i piani di gestione forestale dovrebbero tenere conto dell'impatto dell'oidio per migliorare la rinnovazione naturale, promuovere una gestione *close to nature* delle foreste di farnia e sostenere la biodiversità associata. Si raccomanda l'apertura delle chiome per facilitare l'ulteriore sviluppo del novellame (Demeter *et al.*, 2021). I tagli successivi (uniformi e/o a gruppi) sono riconosciuti come uno dei metodi più efficaci e affidabili per la rinnovazione naturale delle farnie (Dobrowolska, 2008).



Figura 5.4.2. Plot sperimentale nella foresta di Krakovo (Sito 28) (a sinistra) e larva di bombice (*Lymantria dispar* L.).

5.5 Modello GenBioSilvi

Roberta Ferrante^{1,2}, Cesare Garosi¹, Cristina Vettori^{1,3}, Davide Travaglini¹, Donatella Paffetti¹

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze (UNIFI), Italia

² NBFC, National Biodiversity Future Center, Italia

³ Istituto di Bioscienze e Biorisorse (IBBR), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Italia

Valutare la diversità genetica è essenziale per capire la salute degli ecosistemi forestali in risposta ai cambiamenti climatici e per supportare le iniziative di conservazione e gestione.

Attraverso l'analisi della diversità genetica basata sui dati SSR (*Simple Sequence Repeats*), possiamo presumere che ci sia un'alta diversità genetica in tutti i siti, ma non possiamo concludere che ci sia una diversità genetica significativa tra i siti, nonostante differiscano nei tipi di gestione (si veda *deliverable Action B2 GenBioSilvi model*). Per quanto riguarda i siti di *Q. robur* L., abbiamo studiato due foreste non gestite e due siti gestiti con tagli successivi uniformi. La gestione intensiva per la produzione di legname viene effettuata nelle foreste di quercia in Francia, in alcuni Paesi balcanici e in Germania. In Italia, le foreste di alto fusto sono destinate alle aree protette. In Francia e Slovenia, il tipo di trattamento più comune sono i tagli successivi uniformi o a gruppi.

Poiché abbiamo considerato solo siti non gestiti e solo due siti trattati, non abbiamo dati sufficienti per poter determinare quale tipo di gestione promuova la diversità genetica.

Attraverso l'analisi della diversità genetica basata sui dati SSR, abbiamo osservato che il Sito 10 - Culatta (non gestito) e il Sito 13 - Nova Gradiška (tagli successivi uniformi) presentano una struttura genetica spaziale complessa ed eterogenea. Questo può essere attribuito all'incrocio non casuale tra individui strettamente imparentati. Dai risultati ottenuti per ciascuno dei siti studiati, è stato possibile osservare una struttura genetica spaziale semplificata negli altri siti.

La complessità riportata per il Sito 10 - Culatta e il Sito 13 - Nova Gradiška implica un ecosistema dinamico, capace di rispondere ai cambiamenti ambientali generando nuova variabilità genetica attraverso la ricombinazione e il flusso genico tra sottopopolazioni. Inoltre, abbiamo osservato un alto numero di SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) correlati alle condizioni ambientali attuali nei vari siti. La presenza di queste varianti alleliche associate agli indicatori bioclimatici che meglio caratterizzano l'ambiente locale è importante. Abbiamo trovato che il Sito 10 - Culatta (non gestito) presentava un numero maggiore di SNP correlati agli indicatori bioclimatici.

La struttura del popolamento è un elemento chiave per valutare le funzioni ecologiche e i servizi negli ecosistemi forestali. Per descrivere la biodiversità, abbiamo osservato i dati dendrometrici per definire la struttura della foresta nei siti analizzati. Grazie a questi dati, possiamo presumere che la migliore struttura osservata sia quella caratteristica di una foresta multi-stratificata e disetanea, considerando tutte le specie presenti. Quando abbiamo analizzato solo gli individui di *Q. robur* in tutti i siti, abbiamo osservato una struttura monostrato con una distribuzione in classi di diametro unimodale, tipica dei popolamenti di farnia. Una popolazione disetanea e multi-stratificata supporta la presenza di rinnovazione naturale perché mostra spazi vuoti nella copertura della chioma che creano condizioni ideali per l'affermazione della rinnovazione naturale delle specie competitive. Inoltre, una foresta multi-stratificata consente un'alta dispersione del polline, promuovendo la diversità genetica. Pertanto, basandoci sui migliori parametri utilizzati per definire la struttura della foresta, abbiamo osservato che i siti caratterizzati da una struttura forestale disetanea e multistratificata (considerando tutte le specie nei popolamenti) presentano anche una complessa struttura genetica spaziale e un'alta diversità genetica.

Il legno morto svolge ruoli funzionali cruciali come il ciclo dei nutrienti e come serbatoio di carbonio. La presenza di legno morto può favorire la germinazione e lo sviluppo delle piantine delle specie arboree, fungendo da siti "vivaio" e contribuendo così al rinnovo della foresta.

Per quanto riguarda la quantità di legno morto, la situazione migliore è osservata nei siti non gestiti. Il Sito 28B - Riserva di Karakovo ha mostrato un volume maggiore di legno morto. Il legno morto fornisce un microhabitat importante per lo sviluppo e la conservazione delle specie importanti per l'ecosistema forestale. Oltre al legno morto, abbiamo osservato altri indicatori legati ai microhabitat

saproxilici. Il maggior numero di microhabitat arborei è stato rilevato nei siti dove ci sono individui secolari con deformazioni del tronco e cavità. La frequenza dei microhabitat epixilici è inferiore rispetto a quella dei saproxilici in tutte le popolazioni osservate. Gli epixilici vengono utilizzati come indicatori per valutare le condizioni dell'ecosistema. La presenza di questi microhabitat è una fonte importante di biodiversità. Sulla base dei risultati ottenuti, i tipi di gestione che consentono strutture forestali complesse caratteristiche di popolamenti disetanei e multi-stratificati aumentano la probabilità di osservare diverse forme di microhabitat.

Tutti i siti analizzati sono popolamenti misti di farnia. Sulla base dei risultati ottenuti durante le analisi, attraverso l'osservazione di questi indicatori è possibile simulare lo stato di diversità genetica del popolamento e guidare gli utilizzatori verso una gestione sostenibile per conservare e/o aumentare la diversità genetica presente. Considerando i risultati ottenuti dall'analisi di tutti gli indicatori di biodiversità, abbiamo sviluppato un modello che descrive lo stato attuale delle risorse genetiche all'interno del sito. Questo modello è stato concepito per aiutare gli utilizzatori della foresta a verificare lo stato attuale della biodiversità del popolamento e fornire linee guida per una gestione sostenibile. Per sviluppare un modello adatto agli utilizzatori, abbiamo osservato che è possibile identificare un insieme di indicatori chiave che sono più rappresentativi. Gli indicatori alla base del modello possono descrivere indirettamente lo stato della diversità genetica del popolamento, come emerso dai risultati ottenuti. Inoltre, è possibile identificare alcuni indicatori più rappresentativi della biodiversità in termini di legno morto, microhabitat arborei e diversità di specie. Per questo motivo, abbiamo deciso di escludere nella scheda sviluppata per gli utilizzatori la raccolta di dati sulla diversità genetica e sulla diversità del suolo, che sono difficili da osservare direttamente in campo. A tal fine, abbiamo sviluppato un modello che prevede l'osservazione di alcuni indicatori chiave che descrivono lo stato attuale del popolamento analizzato. Gli indicatori selezionati sono riportati nella Tabella 5.5.1.

Tabella 5.5.1. Descrizione degli indicatori selezionati per valutare lo stato dei popolamenti.

Categoria	Indicatori	Descrizione
Struttura forestale	Deviazione standard (SD) dei diametri a petto d'uomo (DBH)	Variazione dei diametri degli alberi presenti nello stand analizzato
	% di piante nello strato di rinnovazione (con DBH compreso tra 2,5 e 10 cm)	Presenza di rinnovazione naturale da seme della specie target
	Curva di distribuzione in classi di diametro	Complessità di struttura verticale ed orizzontale
Struttura verticale (distribuzione in altezza degli alberi)		
Legno morto	Presenza di legno morto in piedi	Descrizione della presenza di legno morto in piedi e a terra
	Detriti legnosi grossolani	
Diversità di specie	Ricchezza di specie	Presenza di altre specie arboree nel sito
	Percentuale di rinnovazione della specie non-target	
Microhabitat arborei	Percentuali di cavità presenti	Presenza di microhabitat

Il modello prevede la produzione di una scheda che richiede la compilazione di alcuni parametri facilmente osservabili sul campo dagli utilizzatori. Sulla base dei nostri risultati, abbiamo scelto delle soglie di valore per ogni indicatore selezionato. L'annotazione dei dati reali per ogni indicatore produrrà un punteggio basato sulle soglie selezionate. Il punteggio finale è associato all'identificazione dello stato attuale dello stand analizzato. Per ogni punteggio finale vengono fornite indicazioni sulle possibili azioni da intraprendere per implementare una gestione sostenibile del soprassuolo (Figura 5.5.1). Di seguito è riportato l'esempio della scheda che abbiamo realizzato per la compilazione (Figura 5.5.2). La Figura 5.5.3 mostra invece la scheda compilata sulla base dei dati reali ottenuti dal Sito 10 - Culatta.

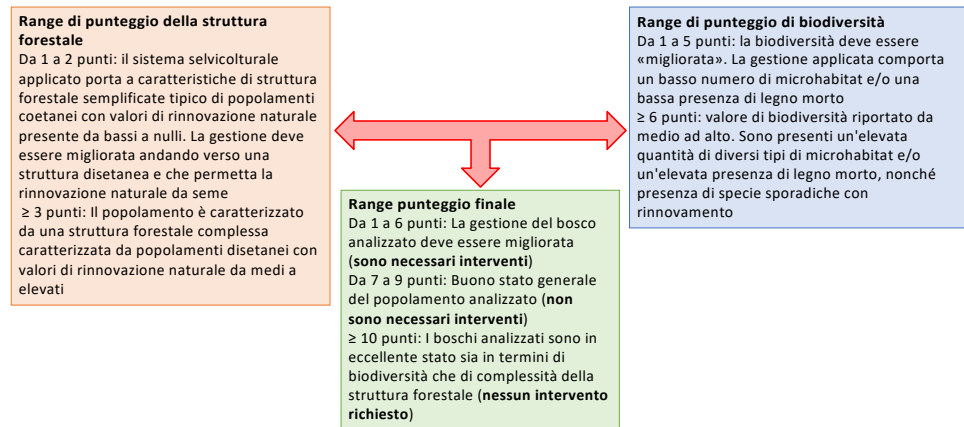


Figura 5.5.1. Linee guida per la gestione forestale basate sul punteggio finale ottenuto dalla valutazione e compilazione della scheda forestale.



SCHEDA DI VALUTAZIONE GenBioSilvi			
Riferimenti del sito (località, posizione, ecc.)	Sistema selvicolturale attualmente applicato	Indicazioni per una Gestione Forestale Sostenibile sotto Cambiamenti Climatici	
Indicatori di struttura forestale	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale orizzontale e verticale	
Deviazione standard (SD) dei diametri a petto d'uomo (DBH)	Score 1 (DBH SD < 5) Score 2 (5 ≥ DBH SD ≤ 15) Score 3 (DBH SD > 15)	Score 1 (Struttura forestale semplificata senza rinnovazione) - da 4 a 6 Score 2 (Struttura forestale semplificata con rinnovazione o struttura forestale complessa senza rinnovazione) - da 7 a 8 Score 3 (Struttura forestale complessa con rinnovazione) - da 9 a 11 Score 4 (Struttura complessa con rinnovazione in tutta l'area) - da 12 a 13	
% di piante nello strato di rinnovazione (con DBH compreso tra 2,5 e 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) Score 4 (% Rinn ≥ 50)		
Curva di distribuzione in classi di diametro	Score 1 (Uni-modale) Score 2 (Bi modale) Score 3 (J rovesciata)		
Struttura verticale (distribuzione in altezza degli alberi)	Score 1 (Mono-stratificato) Score 2 (Bi-stratificato) Score 3 (Multi-stratificato)		
Punteggio indicatori di struttura forestale			
Indicatori di biodiversità	Punteggio indicatore-specifico		Implicazioni sulla struttura forestale
Indicatori legno morto			
Presenza di legno morto in piedi	Score 1 (assenza di legno morto in piedi) Score 2 (presenza di legno morto in piedi)	Score 1 (Assenza di legno morto) - 1 Score 2 (Presenza di legno morto in piedi e assenza di detriti) - 3	
Detriti legnosi grossolani	Score 1 (assenza di detriti legnosi) Score 2 (presenza di detriti legnosi)	Score 3 (Presenza di legno morto in piedi e presenza di detriti) - 4	
Indicatori di diversità di specie			
Presenza/assenza di altre specie	Score 1 (assenza di altre specie) Score 2 (presenza di altre specie)	Score 1 (Sito monospecifico) - 2 Score 2 (Specie sporadiche con poca o assente rinnovazione) - 3	
% di rinnovazione di altre specie oltre la specie target (diametro da 2,5 a 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) Score 4 (% Rinn ≥ 50)	Score 3 (Specie sporadiche con presenza di rinnovazione) - da 4 a 6	
Indicatori di microhabitat arborei			
% di alberi con cavità	Score 1 (% piante < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 50) Score 3 (% Rinn ≥ 50)	Score 1 (Assenza o basso numero di microhabitat) - 1 Score 2 (Presenza di microhabitat) - 2 Score 3 (Alto numero di microhabitat presenti) - 3	
Punteggio indicatori di struttura forestale			
Punteggio complessivo			

Figura 5.5.2. Struttura della scheda di valutazione del popolamento forestale.

SCHEDA DI VALUTAZIONE GenBioSilvi		
Riferimenti del sito (località, posizione, ecc.)	Sistema selvicolturale attualmente applicato	Indicazioni per una Gestione Forestale Sostenibile sotto Cambiamenti Climatici
Il sito si trova nel Parco Regionale di Migliarino, San Rossore, Massaciuccoli, una proprietà pubblica della Regione Toscana e gestita dal Parco stesso. L'area di studio ricade all'interno di una ZSC ed una ZPS della Rete Natura 2000, entrambe denominate "Selva Pisana" (codice IT5170002). Il sito dimostrativo ricade all'interno della particella forestale n. 386, ad una quota di 2 m s.l.m.; la superficie della particella forestale è di 29,2 ha. La foresta vegeta su terreni alluvionali. Il sito è un bosco misto di latifoglie decidue mesofile dominato da <i>Quercus robur</i> L., <i>Fraxinus angustifolia</i> Vahl e <i>Populus alba</i> L.; altre specie arboree forestali presenti sono <i>Acer campestre</i> L., <i>Ulmus minor</i> Mill. e <i>Crataegus monogyna</i> Jacq.; secondo la classificazione europea dei tipi forestali, il sito è classificato come "Pedunculate oak-hornbeam forest" (EFT 5.1).	La foresta è un popolamento di età disforme lasciato a libera evoluzione. La struttura verticale è tipica di un popolamento disetaneo con tre o più strati arborei; il numero di alberi (dbh > 2,5 cm) è di 608 alberi/ha, l'area basimetrica è di 27,9 m ² /ha, la provvigione è di 367,5 m ³ /ha.	Punteggio finale 10: il bosco analizzato è in eccellente stato sia in termini di biodiversità che di complessità della struttura forestale Sono richiesti interventi per favorire la rinnovazione di farnia, minacciata dalla forte pressione della brucatura da parte degli ungulati
Indicatori di struttura forestale	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale orizzontale e verticale
Deviazione standard (SD) dei diametri a petto d'uomo (DBH)	Score 1 (DBH SD < 5) <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (5 ≥ DBH SD ≤ 15) Score 3 (DBH SD > 15)	<input checked="" type="checkbox"/> Score 1 (Struttura forestale semplificata senza rinnovazione) - da 4 a 6 Score 2 (Struttura forestale semplificata con rinnovazione o struttura forestale complessa senza rinnovazione) - da 7 a 8 Score 3 (Struttura forestale complessa con rinnovazione) - da 9 a 11 Score 4 (Struttura complessa con rinnovazione in tutta l'area) - da 12 a 13
% di piante nello strato di rinnovazione (con DBH compreso tra 2,5 e 10 cm)	<input checked="" type="checkbox"/> Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) Score 4 (% Rinn ≥ 50)	
Curva di distribuzione in classi di diametro	<input checked="" type="checkbox"/> Score 1 (Uni-modale) Score 2 (Bi modale) Score 3 (J rovesciata)	
Struttura verticale (distribuzione in altezza degli alberi)	Score 1 (Mono-stratificato) <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (Bi-stratificato) Score 3 (Multi-stratificato)	
6. Punteggio indicatori di struttura forestale		
Indicatori di biodiversità	Punteggio indicatore-specifico	Implicazioni sulla struttura forestale
Indicatori legno morto		
Presenza di legno morto in piedi	Score 1 (assenza di legno morto in piedi) <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (presenza di legno morto in piedi)	Score 1 (Assenza di legno morto) - 1 Score 2 (Presenza di legno morto in piedi e assenza di detriti) - 3 <input checked="" type="checkbox"/> Score 3 (Presenza di legno morto in piedi e presenza di detriti) - 4
Detriti legnosi grossolani	Score 1 (assenza di detriti legnosi) <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (presenza di detriti legnosi)	
Indicatori di diversità di specie		
Presenza/assenza di altre specie	Score 1 (assenza di altre specie) <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (presenza di altre specie)	Score 1 (Sito monospecifico) - 2 Score 2 (Specie sporadiche con poca o assente rinnovazione) - 3 <input checked="" type="checkbox"/> Score 3 (Specie sporadiche con presenza di rinnovazione) - da 4 a 6
% di rinnovazione di altre specie oltre la specie target (diametro da 2,5 a 10 cm)	Score 1 (% Rinn < 15) Score 2 (15 ≥ % Rinn < 30) <input checked="" type="checkbox"/> Score 3 (30 ≥ % Rinn < 50) Score 4 (% Rinn ≥ 50)	
Indicatori di microhabitat arborei		
% di alberi con cavità	Score 1 (% piante < 15) <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (15 ≥ % Rinn < 50) Score 3 (% Rinn ≥ 50)	Score 1 (Assenza o basso numero di microhabitat) - 1 <input checked="" type="checkbox"/> Score 2 (Presenza di microhabitat) - 2 Score 3 (Alto numero di microhabitat presenti) - 3
13. Punteggio indicatori di struttura forestale		
10. Punteggio complessivo		

Figura 5.5.3. Scheda di valutazione del Sito 10 - Culatta.

5.6 Raccomandazioni per una Gestione Forestale Sostenibile

Andrej Breznikar¹, Davide Travaglini²

¹ Slovenia Forest Service, Slovenia

² Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali (DAGRI), Università degli Studi di Firenze (UNIFI), Italia

Descrizione dei sistemi selvicolturali

Tra le 13 specie europee di quercia bianca, la farnia (*Q. robur*) e la rovere (*Q. petraea*) sono le specie arboree decidue più importanti, dal punto di vista economico ed ecologico, in Europa (Diaci, 2006), mentre altre specie di quercia, come la roverella (*Q. pubescens*) e il leccio (*Q. ilex*), anch'esse studiate nell'ambito del progetto LIFE SySTEMiC, stanno acquistando importanza grazie alla loro resistenza ai cambiamenti climatici.

Le querce sono diffuse in tutta Europa, dall'estremità settentrionale della Spagna alla Scandinavia meridionale e dall'Irlanda fino all'Europa orientale. Queste specie sono strettamente imparentate, capaci di incrociarsi, competere e ibridarsi naturalmente tra loro. Le querce rappresentano pertanto una delle specie arboree più eterogenee. Questa elevata diversità è probabilmente il risultato di popolazioni di grandi dimensioni, della sovrapposizione delle nicchie ecologiche, del flusso genico su lunghe distanze e della loro capacità di interfertilità (Ducousso e Bordacs, 2004). L'impatto dell'uomo sulle popolazioni di querce è esteso, infatti la maggior parte dei boschi di querce è gestita in modi diversi. Nei popolamenti di quercia studiati nel contesto del progetto LIFE SySTEMiC, predominano sistemi selvicolturali coetanei, non gestiti o gestiti con tagli successivi uniformi e a gruppi. I sistemi selvicolturali più adatti per i boschi di farnia includono i tagli successivi a gruppi con aperture di dimensioni variabili tra 0,5 e 2 ettari, o tagli successivi uniformi che rispondono alle esigenze di luce delle querce. L'uso della gestione intensiva dei boschi coetanei è raro in quest'area, mentre il sistema del ceduo è diffuso in Italia, specialmente nei boschi di roverella e leccio (Ciancio e Nocentini, 2004). Inoltre, in alcuni casi si può verificare l'abbandono della gestione forestale nei popolamenti di quercia mediterranea situati in zone ad elevata pendenza e di difficile accessibilità.

Caratteristiche selvicolturali delle querce

La Gestione Forestale Sostenibile dei querceti studiati (*Q. robur*, *Q. pubescens*, *Q. ilex*) deve essere adattata alle caratteristiche specifiche di ciascun sito forestale e alle principali tendenze di sviluppo osservate. Le condizioni del sito delle querce possono variare significativamente anche a breve distanza. Per preservare queste caratteristiche e ottimizzare i benefici derivanti dalle loro specificità, è essenziale adottare approcci di gestione forestale misti e adatti al contesto forestale. Lo sviluppo di popolamenti di querce adattati alle condizioni individuali del sito e del soprassuolo richiede una grande flessibilità nella scelta del sistema di gestione forestale e una pianificazione attenta delle operazioni. Le specie di querce presentano differenze morfologiche e variazioni significative nelle condizioni del sito (Diaci, 2006). Tutte queste specie sono esigenti in termini di luce e mostrano un rapido incremento in altezza durante i primi anni di crescita. Nei siti migliori, senza la competizione degli alberi più alti, raggiungono il loro massimo incremento in altezza già tra i 30 e i 45 anni. Successivamente, l'incremento in volume decresce ma rimane significativo, tanto che a 200 anni i popolamenti di querce mantengono ancora uno degli incrementi in volume medi più elevati (Diaci, 2006). Soprattutto nelle fasi giovani, le querce rispondono bene alle pratiche selvicolturali che influenzano significativamente la forma degli alberi e la struttura del popolamento.

Minacce

Per quanto riguarda le minacce e i rischi attuali nelle quercete, con l'aumento delle temperature medie annue, i siti di querce diventeranno gradualmente più secchi, il che porterà alla riduzione dell'area adatta alle querce, soprattutto per *Q. robur* e *Q. petraea* (ZGS, 2021). A causa dell'azione complessa di fattori biotici (malattie, parassiti) e abiotici (siccità), anche la percentuale di piante in fase di sviluppo avanzata è in parte a rischio. Con l'aumento dell'aridità, aumenterà anche il rischio di incendi nei boschi di querce. Anche la presenza di conifere con un'alta percentuale di piante sofferenti (pino marittimo e pino nero) altera la vulnerabilità di queste foreste. I principali problemi di conservazione dei querceti sono le malattie fungine (oidio della quercia) e i parassiti, il rapido sviluppo di specie vegetali invasive non autoctone e la riduzione della possibilità di rinnovamento naturale delle querce. I popolamenti di *Q. robur*, a causa del degrado, dei cambiamenti nella composizione delle specie arboree e delle variazioni della temperatura e del regime idrico, si trovano ad affrontare la mancanza di popolamenti adatti alla semina o l'assenza di colture. A causa dell'ingresso di specie vegetali invasive non autoctone, le proprietà del suolo cambiano e si deteriorano. La presenza di malattie e parassiti provoca interventi non pianificati che possono interrompere significativamente le dinamiche pianificate di ripristino del bosco di querce (ZGS, 2021).

La grande minaccia alla diversità genetica delle querce è anche l'introduzione di genotipi esotici attraverso le piantagioni. Le querce bianche hanno nicchie ecologiche molto ampie e talvolta occupano habitat estremi (pendii rocciosi in montagna, dune di sabbia, terreni salini, torbiere, garighe). Queste popolazioni sono ad alto rischio di scomparsa perché il numero di individui è basso, gli habitat sono instabili e l'impatto antropico è spesso forte (Bajc *et al.*, 2020).

Anche la rinnovazione naturale può essere un problema per le querce. A causa del rapporto sbilanciato tra le fasi di sviluppo, della sovrabbondanza di selvaggina o dei cambiamenti nel regime delle acque sotterranee, la rinnovazione naturale è limitata. In molti casi le piantine muoiono un paio di anni dopo la germinazione (ZGS, 2021).

Anche i parassiti e gli agenti patogeni rappresentano una grave minaccia per le querce. Tra i patogeni più comuni si segnala l'oidio della quercia (*Microsphaera alphitoides*), che negli ultimi anni è diventato un problema sempre più rilevante, causando gravi declini soprattutto nelle farnie e nelle roveri. La defogliazione durante il primo ciclo di foglie è una problematica diffusa, causata da vari bruchi come *Tortrix viridana*, *Lymantria dispar*, *Operophtera brumata* e *Thaumetopoea processionea*, la processionaria della quercia, che si è diffusa dall'Europa meridionale verso nord (Bajc *et al.*, 2020).

Le querce mediterranee sono ulteriormente minacciate dal sovra-raccolto e dal pascolo eccessivo, dai cambiamenti climatici, dal taglio indiscriminato, dalla gestione selvicolturale non adatta (cedui o tagli raso su vaste aree, dove la rinnovazione non può avere successo) e dal pascolo intensivo degli ungulati (Bordacs *et al.*, 2019).

Valutazione del potenziale di adattamento dei boschi di querce ai cambiamenti climatici

Il potenziale di adattamento ai cambiamenti climatici delle foreste di *Q. robur* è piuttosto basso a causa delle numerose minacce che gravano sulla farnia come specie chiave. Nelle foreste di *Q. pubescens* e *Q. ilex* è maggiore, poiché queste specie arboree sono più resistenti alla siccità. Queste foreste sono composte anche da specie arboree in grado di rinnovarsi facilmente dalle ceppaie, il che è particolarmente vantaggioso in caso di varie calamità (incendi), ma tali foreste sono poco interessanti per lo sfruttamento economico, il che riduce l'effettiva portata della gestione attiva. Ciononostante, ha senso migliorare la loro adattabilità ai cambiamenti climatici, soprattutto facilitando la produzione di semi dei popolamenti forestali e la graduale trasformazione dei boschi cedui (Bordacs *et al.*, 2019).

Rinnovazione dei popolamenti di quercia

La rinnovazione dei popolamenti di farnia conservati deve avvenire un anno dopo la semina della quercia. I popolamenti sono principalmente ripristinati in modo naturale e, se necessario, tramite semina e piantagione. Durante l'introduzione di nuovi popolamenti di querce per il ripristino, è essenziale mantenere inalterato lo strato arboreo sottostante per favorire un microclima favorevole, proteggere gli alberelli e prevenire una crescita eccessiva di erbacce e arbusti (ZGS, 2021).

Il ripristino è seguito da una serie di due o tre tagli: taglio preparatorio con una intensità del 30%, taglio di semina con il 50% e taglio finale. Il taglio deve essere effettuato abbastanza rapidamente, con un intervallo di 3-5 anni. Lo strato arboreo sottostante deve essere completamente rimosso entro due o tre anni dalla semina.

Un fattore importante per il successo della rinnovazione è la direzione dell'apertura del soprassuolo. Quando l'apertura avviene dal lato sud, le condizioni di luce sono favorevoli alla crescita e a una maggiore densità di giovani piante. Non tutti i soprassuoli sono adatti ad essere rinnovati per via naturale. Devono essere di buona qualità, con chiome sviluppate, il che garantisce una migliore resa e il trasferimento di caratteristiche genetiche desiderabili alla progenie.

Il ripristino con la piantagione o la semina è necessario nei casi in cui gli alberi da seme mancano parzialmente o completamente o sono di qualità insufficiente, quando la vegetazione concorrente ha una tendenza molto pronunciata a svilupparsi, nei popolamenti forestali danneggiati a causa di calamità naturali o nei casi di trasformazione di foreste alterate, e quando in termini di struttura e altre proprietà del popolamento (microclima), la rinnovazione naturale non ha successo.

La densità di impianto deve essere compresa tra 3.000 e 5.000 piantine/ha. Oltre alla piantagione si può ricorrere anche alla semina. La quantità ottimale di ghiande per la semina dovrebbe essere compresa tra 400 e 800 kg/ha a seconda del metodo di semina (spargimento di semi, semina a dimora) (ZGS, 2021).



Figura 5.6.1. La rinnovazione della quercia avviene dopo l'anno di semina.

Cura e protezione dei popolamenti di quercia

Le misure di cura e protezione più appropriate sono definite seguendo le linee guida della gestione forestale in Slovenia (ZGS, 2021) e i risultati del progetto LIFE SySTEMiC. Nei popolamenti di *Q. robur*, è fondamentale garantire un rapido sviluppo di chiome vigorose delle querce per garantire la stabilità delle foreste contro influenze dannose di tipo abiotico come vento e neve. Ciò viene ottenuto mediante l'implementazione corretta delle misure di cura, inclusi diradamenti precoci e intensi.

È cruciale implementare una cura intensiva per i giovani alberi al fine di garantire la struttura appropriata dei futuri popolamenti. Durante la fase di crescita naturale dei giovani alberi, è essenziale equilibrare la combinazione di specie arboree. Un problema significativo in questa prima fase è lo sviluppo rapido dello strato del sottobosco, che tende a crescere più velocemente dei giovani alberi di quercia, rendendo necessaria la sua rimozione annuale fino a quando le querce non sono più minacciate. Nelle situazioni di rinnovazione artificiale delle querce, a causa della veloce crescita della vegetazione erbacea e arbustiva, è fondamentale un intervento regolare e tempestivo, con una frequenza bi-annuale in base alle condizioni del terreno. Quando la perdita supera il 30%, è consigliabile procedere con ulteriori piantagioni utilizzando querce e latifoglie nobili come acero di monte e ciliegio selvatico (ZGS, 2021).

Nella fase di crescita giovanile è essenziale controllare l'effetto negativo dell'oidio della quercia, poiché rappresenta uno dei fattori limitanti della rinnovazione naturale.



Figura 5.6.2. È necessario curare regolarmente la rinnovazione a causa della competizione con la vegetazione erbacea e arbustiva.

La manutenzione dei giovani alberi di solito avviene una sola volta, una volta che le qualità positive dei singoli giovani alberi sono già evidenti. Con il taglio a scelta, è essenziale iniziare presto. Un diradamento significativo dei popolamenti di quercia garantisce la possibilità di uno sviluppo rapido di chiome vigorose e una maggiore stabilità. È necessario diradare i popolamenti di quercia per fornire spazio di crescita sufficientemente ampio agli alberi selezionati e assicurarsi che le loro chiome siano ampie.

Dobbiamo anche cercare di preservare lo strato del sottobosco, che comprende una miscelanza di specie. In generale, evitiamo di intervenire nello strato inferiore degli alberi, ma se necessario, promuoviamo gli esemplari di miglior qualità attraverso un diradamento selettivo.

Nei popolamenti adulti, il diradamento ha senso solo nelle parti più giovani del popolamento (12-16% del volume). Il sottobosco deve essere protetto fino all'inizio della raccolta finale, cioè prima dell'introduzione del popolamento per il ripristino.

Nei siti meno produttivi di *Q. pubescens* e *Q. ilex*, di solito non sono necessari interventi di cura o ne sono necessari solo minimi. Le attenzioni dovrebbero concentrarsi principalmente sui popolamenti di querce e pini. Nei siti più produttivi, le cure durante la fase di crescita giovanile vengono applicate solo una volta.

Ridurre il periodo di produzione è essenziale per mantenere la vitalità dei popolamenti forestali e ottenere benefici economici nei casi in cui la composizione arborea è cambiata o la salute delle querce è compromessa, con alberi che stanno morendo.

Adattamento dei popolamenti di quercia ai cambiamenti climatici

Le risorse genetiche delle querce sono minacciate non solo dalla perdita degli ecosistemi naturali e dalla riduzione delle fonti di semi, ma anche dall'impatto per decenni all'inquinamento atmosferico e dai cambiamenti climatici a lungo termine (Bajc *et al.*, 2020).

Il sistema per il ripristino delle foreste di querce deve essere adattato per affrontare le sempre più frequenti calamità naturali, determinando le priorità di intervento post-disastro e le metodologie di ripristino delle aree forestali danneggiate.

Le dimensioni delle aree da ripristinare devono essere più piccole, in quanto ciò garantisce la struttura a mosaico dei futuri popolamenti e ne aumenta la resilienza. Tuttavia, non dobbiamo ignorare le esigenze di luce/crescita delle singole specie arboree e restringere la diversità di specie della futura rinnovazione.

Il rapporto tra rinnovazione naturale e rinnovazione tramite piantagione deve seguire altre strategie, soprattutto per garantire la copertura costante delle aree forestali e assicurare la diversità genetica della giovane foresta. Ove possibile, si ricorre alla rinnovazione naturale, perché in questo modo il processo evolutivo rimane meno disturbato. Il problema sorge quando l'ambiente cambia più velocemente di quanto gli alberi possano adattarsi. Questo può portare a una riduzione della vitalità e persino a un punto critico in cui la popolazione non è più in grado di rinnovarsi.

L'obiettivo primario rimane la rinnovazione sotto copertura e la gestione indiretta con l'aiuto del soprassuolo maturo. I tempi di rinnovazione devono essere valutati criticamente e, quando possibile, adattati accorciandoli o prolungandoli in base alle caratteristiche specifiche dei popolamenti forestali.

Con una cura appropriata, sufficientemente frequente e sufficientemente intensiva dei popolamenti di quercia, si può influire sul miglioramento della struttura dei popolamenti e quindi ridurre la suscettibilità ai disturbi naturali e l'impatto dei fattori biotici e abiotici negativi. È inoltre necessario regolare (soprattutto ridurre) la densità dei popolamenti forestali e garantire una maggiore eterogeneità della struttura del popolamento (più strati verticali) e mantenere una struttura verticale, orizzontale e di età diversificata dei popolamenti forestali.

Il diradamento selettivo, in condizioni ideali di impianto, viene sostituito dal diradamento situazionale, che è un modo significativamente meno rischioso di gestire gli impianti in crescita. Con l'aumento della frequenza e della gravità delle lesioni, aumenta anche il rischio di danni agli impianti e quindi la svalutazione dell'alto investimento nelle misure di cura (ZGS, 2021).

BIBLIOGRAFIA

- Abies (2016). The 15th international conference on ecology and silviculture of fir. Bringing knowledge on Fir species together. Conference proceedings, 56 p. http://www.iufro.org/download/file/26518/1404/10109-abies2016-sapporo-abstracts_pdf/.
- Aitken, S.N., Yeaman, S., Holliday, J.A., Wang, T. and Curtis-McLane, S. (2008), Adaptation, migration or extirpation: climate change outcomes for tree populations. *Evolutionary Applications*, 1: 95-111. <https://doi.org/10.1111/j.1752-4571.2007.00013.x>
- Alberto FJ, Derory J, Boury C. (2013), Imprints of natural selection along environmental gradients in phenology-related genes of *Quercus petraea*. *Genetics*, Volume 195, Issue 2, Pages 495-512, <https://doi.org/10.1534/genetics.113.153783>
- Alía R., Martín S. (2003). EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use for Maritime pine (*Pinus pinaster*). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 6 p.
- Aravanopoulos, FA. (2018), Do Silviculture and Forest Management Affect the Genetic Diversity and Structure of Long-Impacted Forest Tree Populations? *Forests*. 9(6):355. <https://doi.org/10.3390/f9060355>
- Babst, F., Bouriaud, O., Poulter, B., Trouet, V., Girardin, MP., Frank, DC. (2019), Twentieth century redistribution in climatic drivers of global tree growth. *Science Advances*. doi:10.1126/sciadv.aat4313
- Baldrian P. (2017). Forest microbiome: diversity, complexity and dynamics, *FEMS Microbiology Reviews*, 41(2): 109-130.
- Balkenhol, *et al.*, 2016. *Landscape Genetics: Concepts, Methods, Applications*. ISBN 978-1-118-52528-9 2.
- Bajc M., Aravanopoulos F., Westergren M., Fussi B., Kavaliauskas D., Alizoti P., Kiourtsis F., in Kraigher Hojka (ur.) (2020). Priročnik za gozdni genetski monitoring. Gozdarski inštitut Slovenije, založba Silva Slovenica. Ljubljana.
- Barrett LW, Fletcher S, Wilton SD. (2012), Regulation of eukaryotic gene expression by the untranslated gene regions and other non-coding elements. *Cell Mol Life Sci*. 69(21):3613-34. doi: 10.1007/s00018-012-0990-9.
- Barbeito I., Pardos M., Calama R., Cañellas I. (2008). Effect of stand structure on Stone pine (*Pinus pinea* L.) regeneration dynamics. *Forestry*, 81: 617-629. <https://doi.org/10.1093/forestry/cpn037>.
- Barbero M., Loisel R., Quézel P. (1992). *Quercus ilex* L. ecosystems: function, dynamics and management. In: Romane F., Terradas J. (eds.), Springer Netherlands, *Advances in vegetation science*, 13: 19-34.
- Blanquart, F., Kaltz, O., Nuismer, S.L., Gandon, S., (2013), A practical guide to measuring local adaptation. *Ecol. Lett.* 16, 1195-1205. <https://doi.org/10.1111/ele.12150>.
- Bouriaud, O., Popa, I. (2009), Comparative dendroclimatic study of Scots pine, Norway spruce, and silver fir in the Vrancea Range, Eastern Carpathian Mountains. *Trees* 23, 95-106. <https://doi.org/10.1007/s00468-008-0258-z>.
- Bordács S., Zhelev P., Schirone B. (2019). EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use of pubescent oak (*Quercus pubescens*). European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN), European Forest Institute, 6 p.
- Breznikar A. (2019). Podnebne spremembe postajajo glavni izziv javne gozdarske službe na področju gojenja in varstva gozdov. *Gozdarski vestnik*, letnik 77, No. 9, Ljubljana, p. 332-337.
- Burns R.M., Honkala B.H. (1990). *Silvics of North America: 2. Hardwoods*.

BIBLIOGRAFIA

- Bussotti F. (1996). *Pinus pinea*. In Schütt P, Schuck HJ, Aas G, Lang UM (eds), *Enzyklopaedie der Holzgewächse. Handbuch und Atlas der Dendrologie*. Ecomed Verlagsgesellschaft. Landsberg.
- Calama R., Manso R., Lucas-Borja M.E., Espelta J.M., Piqué M., Bravo F., Del Peso C., Pardos M. (2017). Natural regeneration in Iberian pines: A review of dynamic processes and proposals for management. *Forest Systems*, 26: eR02S. <https://doi.org/10.5424/fs/2017262-11255>.
- Calama R., Puértolas J., Madrigal G., Pardos M. (2013). Modeling the environmental response of leaf net photosynthesis in *Pinus pinea* L. natural regeneration. *Ecological Modelling*, 251: 9- 21. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2012.11.029>.
- Carrer, M., Nola, P., Motta, R., & Urbinati, C. (2010). Contrasting tree-ring growth to climate responses of *Abies alba* toward the southern limit of its distribution area. *Oikos*, 119(9), 1515-1525. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0706.2010.18293.x>.
- Carrasquinho, I., Gonçalves, E. (2013), Genetic variability among *Pinus pinea* L. provenances for survival and growth traits in Portugal. *Tree Genetics & Genomes* 9, 855-866. <https://doi.org/10.1007/s11295-013-0603-2>.
- Chambel, M. R., Climent, J., Alía, R., & Valladares, F. (2005), Phenotypic plasticity: a useful framework for understanding adaptation in forest species. *Forest Systems*, 14(3), 334-344. <https://doi.org/10.5424/srf/2005143-00924>.
- Čater M., Diaci J. (2020). Forest management - silvicultural systems. In: *Forests and forestry in Slovenia*. Ed: Čater M., Železnik P., Slovenian Forestry Institute, The Silva Slovenica Publishing Centre, 120 p.
- Caudullo G., CC BY 4.0 <<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>>, via Wikimedia Commons. https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/4/46/Fagus_sylvatica_range.svg.
- Ciancio O., Nocentini S. (2004). The coppice forest. *Silviculture, regulation, management*. In: "Il bosco ceduo. Selvicoltura, assestamento, gestione". Accademia Italiana di Scienze Forestali, Firenze, pp. 679-701.
- Ciancio O., Cutini A., Mercurio R., Veracini A. (1986) - Sulla struttura della pineta di pino domestico di Alberese. *Annali dell'Istituto Sperimentale di Selvicoltura*, XVII: 171-236.
- Ciancio O., Iovino F., Menguzzato A., Nicolaci A., Nocentini S. (2006). Structure and growth of a small group selection forest of Calabrian pine in Southern Italy: a hypothesis for continuous cover forestry based on traditional silviculture. *Forest Ecology and Management* 224: 229-234. - doi: 10.1016/j.foreco.2005.12.057.
- Ciancio O., Travaglini D., Bianchi L., Mariotti B. (2009) - La gestione delle pinete litoranee di pino domestico: il caso dei "Tomboli di Cecina". In: *Atti del Terzo Congresso Nazionale di Selvicoltura*. Taormina (ME), p. 156-162.
- Critchfield W.B., Little E.L. (1966). Geographic distribution of the pines of the world (No. 991). US Department of Agriculture, Forest Service, Washington, D.C.
- D'Aprile D., Vacchiano G., Meloni F., Garbarino M., Motta R., Ducolim V., Partel P. (2020). Effects of Twenty Years of Ungulate Browsing on Forest Regeneration at Paneveggio Reserve, Italy. *Forests*, 11: 612. doi:10.3390/f11060612.
- Degen, B., Blanc-Jolivet, C., Bakhtina, S. (2021), Applying *targeted* genotyping by sequencing with a new set of nuclear and plastid SNP and indel loci for *Quercus robur* and *Quercus petraea*. *Conservation Genet Resour* 13, 345-347). <https://doi.org/10.1007/s12686-021-01207-6>.
- Del Perugia B., Travaglini D., Bottalico F., Nocentini S., Rossi P., Salbitano F., Sanesi G., 2017 - Are Italian stone pine forests (*Pinus pinea* L.) an endangered coastal landscape? A case study in

BIBLIOGRAFIA

- Tuscany (Central Italy). *L'Italia Forestale e Montana*, 72 (2): 103-121. <http://dx.doi.org/10.4129/ifm.2017.2.01>.
- Demesure B., Comps B., Petit R.J. (1996). Chloroplast DNA phylogeography of the common beech (*Fagus sylvatica*) in Europe. *Evolution* (N.Y.) 50, 2515. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1996.tb03638.x>.
- Demeter L., Molnár A. P., Öllerer P., Csóka G., Kiš A., Vadász C., Horváth F., Molnár Z. (2021). Rethinking the natural regeneration failure of pedunculate oak: The pathogen mildew hypothesis. *Biological Conservation*, 253. doi: 10.1016/j.biocon.2020.108928.
- Diaci J. (2006). Gojenje gozdov: pragozdovi, sestoji, zvrsti, načrtovanje, izbrana poglavja. Ljubljana, Biotehniška fakulteta, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire, 348 p.
- Diaci J., Roženberger D., Fidej G., Arnič D. (2021). Sodobna izhodišča redčenj: povezovanje načel izbiralnega redčenja, situacijskega redčenja, redčenja šopov in skupin ter redčenja spremenljive gostote. *Gozdarski vestnik*, 79, št. 9: 299-311.
- Didion M., Kupferschmid A.D., Bugmann H. (2009). Long-term effects of ungulate browsing on forest composition and structure. *Forest Ecology and Management*, 258: S44 - S55. doi: 10.1016/j.foreco.2009.06.006.
- Dobrowolska D. (2008). Effect of stand density on oak regeneration in flood plain forests in lower Silesia, Poland. *Forestry*, 81: 511-523. doi: 10.1093/forestry/cpn025.
- Ducouso A., Bordacs S. (2004). EUFORGEN - Technical Guidelines for genetic conservation and use for pedunculate and sessile oaks (*Quercus robur* and *Q. petraea*). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, 6 p.
- Eckenwalder J.E. (2009). *Conifers of the World: The Complete Reference*.
- Elling, W., Dittmar, C., Pfaffelmoser, K., Rötzer, T. (2009), Dendroecological assessment of the complex causes of decline and recovery of the growth of silver fir (*Abies alba* Mill.) in Southern Germany, *Forest Ecology and Management*, Volume 257, Issue 4, Pages 1175-1187, ISSN 0378-1127, <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2008.10.014>.
- Eckert A.J., Hall B.D. (2006), Phylogeny, historical biogeography, and patterns of diversification for *Pinus* (Pinaceae): phylogenetic tests of fossil-based hypotheses. *Mol Phylogenet Evol* 40:166-182. doi: [10.1016/j.ympev.2006.03.009](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.03.009).
- Excoffier L., Ray N. (2008). Surfing during population expansions promotes genetic revolutions and structuration. *Trends Ecol Evol*. Jul;23(7):347-51. doi: 10.1016/j.tree.2008.04.004. PMID: 18502536.
- Excoffier, L., Hofer, T. & Foll, M. (2009), Detecting loci under selection in a hierarchically structured population. *Heredity* 103, 285-298. <https://doi.org/10.1038/hdy.2009.74>.
- Fady, B. and Conord, C. (2010), Macroecological patterns of species and genetic diversity in vascular plants of the Mediterranean basin. *Diversity and Distributions*, 16: 53-64. <https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2009.00621.x>.
- Farjon A. (2010). *A handbook of the world's conifers*. Brill, e-ISBN : 9789047430629.
- Farjon A. (2017). *A Handbook of the World's Conifers Vols 1 -2*. Brill, Leiden & Boston, 2nd ed.
- Farjon A., Filer D. (2013). *An atlas of the world's conifers: an analysis of their distribution, biogeography, diversity and conservation status*. Brill. Leiden & Boston.
- Finlay R.D. (2008). Ecological aspects of mycorrhizal symbiosis: with special emphasis on the functional diversity of interactions involving the extraradical mycelium. *Journal of Experimental Botany*, 59: 1115-1126.

BIBLIOGRAFIA

- Flint, L.E., Flint, A.L., Thorne, J.H. (2013), Fine-scale hydrologic modeling for regional landscape applications: the California Basin Characterization Model development and performance. *Ecol Process* 2. 1030 <https://doi.org/10.1186/2192-1709-2-25>.
- Forest management by mimicking nature, How to conserve forests by using them. 2014. Slovenia Forest Service: 27 p.
- Forgenius (2023). Deliverable D4.3: Synthetic index of genome-wide diversity and other adaptive potential estimators for a subset of the selected GCUs/species.
- Franjić, J.; Škvorc, Ž.; Šumsko drveće i grmlje Hrvatske. Zagreb: Sveučilište u Zagrebu - Šumarski fakultet, 2010. 432.
- Garonna A.P., Foscari A., Russo E., Jesu G., Somma S., Cascone P., Guerrieri E. (2018). The spread of the non-native pine tortoise scale *Toumeyella parvicornis* (Hemiptera: Coccidae) in Europe: a major threat to *Pinus pinea* in Southern Italy. *iForest* 11: 628-634. doi: 10.3832/ifer2864-011.
- Gausson H., Heywood V.H., CHATER A.O., (1964), *Pinus* L. In: Tutin, T. G., Burges, N. A., Chater, A. O., Edmondson, J. R., Heywood, V. H., Moore, D. M., Valentine, D. H., Walters, S. M., Webb, D. A. (Eds.), "Flora Europaea" 1: 32-35. Cambridge.
- Gausson H., Webb D.A., Heywood H.V. (1993) *Pinus*. In: Tutin G.H., Heywood H.V., Burges V.A., Moore D.M., Valentine D.H., Walters S.M., Webb D.A. (Eds.), *Flora Europaea*, vol. 1. Cambridge University Press, Cambridge, UK: 40-44.
- Gea-Izquierdo G., Cherubini P., Cañellas I. (2011). Tree-rings reflect the impact of climate change on *Quercus ilex* L. along a temperature gradient in Spain over the last 100 years. *Forest Ecology and Management*, 262(9): 1807-1816.
- GenTree (2020). Deliverable D1.5: Report characterizing the genetic diversity of the European Conservation Network and monitoring strategies.
- Gianinazzi-Pearson V. (1984). Host-Fungus Specificity, Recognition and Compatibility in Mycorrhizae. In: "Genes Involved in Microbe-Plant Interactions. Plant Gene Research" (Verma D.P.S., Hohn, T. eds.). Springer, Vienna.
- Gonthier P., Faccoli M., Garbelotto M., Capretti P. (2015). Invasioni biologiche ed effetti sulla biodiversità forestale. In: (Orazio Ciancio) *Proceedings of the Second International Congress of Silviculture, Designing the future of the forestry sector* (Vol. 1). Florence, November 26th - 29th 2014. Accademia Italiana di Scienze Forestali, Firenze, p. 155-160.
- González de Andrés, E., Camarero, J., Martínez, I., Coll, L. (2014), Uncoupled spatiotemporal patterns of seed dispersal and regeneration in Pyrenean silver fir populations, *Forest Ecology and Management*, Volume 319, Pages 18-28, ISSN 0378-1127. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2014.01.050>.
- González de Andrés, E., Gazol, A., Querejeta, J. I., Igual, J. M., Colangelo, M., Sánchez-Salguero, R., Linares, J. C., & Camarero, J. J. (2022), The role of nutritional impairment in carbon-water balance of silver fir drought-induced dieback. *Global Change Biology*, 28, 4439-4458. <https://doi.org/10.1111/gcb.16170>.
- Gugger, P.F., Fitz-Gibbon, S., PellEgrini, M. and Sork, V.L. (2016), Species-wide patterns of DNA methylation variation in *Quercus lobata* and their association with climate gradients. *Mol Ecol*, 25: 1665-1680. <https://doi.org/10.1111/mec.13563>
- Hafner B., Černe B., Stergar M., Poljanec A. (2020). Analiza stanja poškodovanosti gozdnega mladja od rastlinojede parkljaste divjadi v letih 2010, 2014, 2017 in 2020/Analysis of the state of damage to forest natural regeneration by ungulate herbivores in years 2010, 2014, 2017 and 2020. *Zavod za gozdove Slovenije*, 104 p.

BIBLIOGRAFIA

- Hazard C., Kruitbos L., Davidson H., Mbow F.T., Taylor A.F.S., Johnson D. (2017). Strain identity of the ectomycorrhizal fungus *Laccaria bicolor* is more important than richness in regulating plant and fungal performance under nutrient rich conditions. *Frontiers in Microbiology*, 8: 1874.
- Hoegh-Guldberg O, Hughes L, McIntyre S, Lindenmayer DB, Parmesan C, Possingham HP, Thomas CD. (2008), Assisted colonization and rapid climate change. *Science*. Jul 18;321(5887):345-6. doi: 10.1126/science.1157897. PMID: 18635780.
- Höhn M., Major E., Avdagić A., Bielak K., Bosela M., Coll L., Dinca L., Giammarchi F., Ibrahimspahić A., Mataruga M., Pach M., Uhl E., Zlatanov T., Cseke K., Kovács Z., Palla B., Ladányi M., Heinze B. (2021). Local characteristics of the standing genetic diversity of European beech with high within-region differentiation at the eastern part of the range. *Canadian Journal of Forest Research*, 51(12): 1791-1798. <https://doi.org/10.1139/cjfr-2020-0413>.
- Horsley S.B., Stout S.L., DeCalstea D.S. (2003). White-tailed deer impact on the vegetation dynamics of a northern hardwood forest. *Ecological Applications* 13: 98-118. doi: 10.1890/1051-0761.
- Horvat I., Glavac V.U., Ellenberg H. (1974). *Vegetation Sudosteuroapas*. Stuttgart.
- Idžojtć M. (2009). *Dendrologija-list*. Sveučilište u Zagrebu, Šumarski fakultet, 577 p.
- Idžojtć M. (2013). *Dendrologija-cvijet, češer, plod, sjeme*. Sveučilište u Zagrebu, Šumarski fakultet, 424 p.
- IPCC (1996). Revised 1996 IPCC Guidelines for National Greenhouse Gas. Web site. [online, last access: 2 July 2024] URL: <https://www.ipcc-nggip.iges.or.jp/public/gl/invs1.html>.
- Iravani S., Zolfaghari B. (2014). Phytochemical analysis of *Pinus eldarica* bark. *Research in pharmaceutical sciences*, 9(4): 243-250.
- Isajev V., Fady B., Semerci H., Andonovski V. (2004). EUFORGEN Technical guidelines for genetic conservation and use for European Black pine, *Pinus nigra*. Rome, ITA: IPGRI. <http://prodira.inra.fr/record/76757>.
- Jalas J., Suominen J. (1973). *Atlas Florae Europaeae: distribution of vascular plants in Europe Vol. 2 Gymnospermae (Pinaceae to Ephedraceae)*. Committee for Mapping the Flora of Europe and Societas Biologica Fennica Vanamo, Helsinki.
- Johnson O., More D. (Collins, 2006) *Collins tree guide*.
- Kavaliauskas *et al.* (2020). Guidelines for genetic monitoring of Silver fir (*Abies alba* Mill.) and King Boris fir (*Abies borisii-regis* Mattf.). In: Bajc *et al.* (eds) *Manual for Forest Genetic Monitoring*. Slovenian Forestry Institute: Silva Slovenica Publishing Centre, Ljubljana.
- Kesić, L., Cseke, K., Orlović, S., Stojanović, D. B., Kostić, S., Benke, A., Avramidou, E. V. (2021), Genetic diversity and differentiation of pedunculate oak (*Quercus robur* L.) populations at the southern margin of its distribution range—implications for conservation. *Diversity*, 13(8), 371. doi.org/10.3390/d13080371.
- Klepac D. (1996). Uvod. U: D. Klepac (ur.), *Hrast lužnjak u Hrvatskoj*, HAZU i »Hrvatske šume« p.o., Vinkovci - Zagreb: 9-12.
- Kraigher H. (2024). *Ohranjanje gozdnih genskih virov s semenarskim praktikumom*. Založba Univerze v Mariboru (v tisku).
- Kraigher H., Bajc M., Grebenc T. (2013). Mycorrhizosphere complexity. In: "Climate change, air pollution and global challenges: understanding and perspectives from forest research" (Matyssek R. ed.). Elsevier, Amsterdam, pp. 151-177.
- Kramer, K., Vreugdenhil, S.J., Van der Werf, DC. (2008), Effects of flooding on the recruitment, dam-

BIBLIOGRAFIA

- age and mortality of riparian tree species: A field and simulation study on the Rhine floodplain, *Forest Ecology and Management*, Volume 255, Issue 11, Pages 3893-3903, ISSN 0378-1127, <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2008.03.044>.
- Kremer A, Ronce O, Robledo-Arnuncio JJ, Guillaume F, Bohrer G, Nathan R, Bridle JR, Gomulkiewicz R, Klein EK, Ritland K, Kuparinen A, Gerber S, Schueler S. (2012), Long-distance gene flow and adaptation of forest trees to rapid climate change. *Ecol Lett*. 15(4):378-92. doi: 10.1111/j.1461-0248.2012.01746.x
- Lefèvre, F., Boivin, T., Bontemps, A. (2014), Considering evolutionary processes in adaptive forestry. *Annals of Forest Science* 71, 723-739. <https://doi.org/10.1007/s13595-013-0272-1>
- Magri D., Vendramin G.G., Comps B., Dupanloup I., Geburek T., Gömöry D., Latałowa M., Litt T., Paule L., Roure J.M., Tantau I., Van Der Knaap W.O., Petit R.J., De Beaulieu J.L. (2006). A new scenario for the Quaternary history of European Beech populations: Palaeobotanical evidence and genetic consequences. *New Phytol.*, 171: 199-221.
- Manso R., Pukkala T., Pardos M., Miina J., Calama R. (2014). Modelling *Pinus pinea* forest management to attain natural regeneration under present and future climatic scenarios. *Canadian Journal of Forest Research*, 44: 250-262. <https://dx.doi.org/10.1139/cjfr-2013-0179>.
- Marçais B. and Bréda N. (2006). Role of an opportunistic pathogen in the decline of stressed oak trees. *Journal of Ecology*, 94, 1214-1223. doi:10.1111/j.1365-2745.2006.01173.x
- Martinez FG, Montero R, Ruiz-Peinado I, Canellas JA, Candela A (2004). Geobotanica e historia de los pinares [Geobotany and history of the pine forests]. In: "El Pino pinonero (*Pinus pinea* L.) en Andalucía: Ecología, distribución y silvicultura" (Montero G, Candela JA, Fernandez A eds). Consejería de Medio Ambiente, Junta de Andalucía, Sevilla, Spain, pp. 49-111.
- Matić S. (ed.) (2003). *Obična bukva (Fagus sylvatica L.) u Hrvatskoj* [Common beech (*Fagus sylvatica* L.) in Croatia]. Akademija Šumarskih Znanosti (Academy of Forest Science), Zagreb, Croatia, 855 p.
- Mazza G, Manetti M. (2013). Growth rate and climate responses of *Pinus pinea* L. in Italian coastal stands over the last century. *Climatic Change* 121 (4): 713-725. doi: 10.1007/s10584-013-0933-y.
- Mechergui K., Saleh Altamimi A., Jaouadi W., Naghmouchi S. (2021). Climate change impacts on spatial distribution, treeing growth, and water use of stone pine (*Pinus pinea* L.) forests in the Mediterranean region and silvicultural practices to limit those impacts. *iForest* 14: 104-112. doi: 10.3832/ifer3385-013.
- Mitchell A. (1974). *A field guide to the trees of Britain and northern Europe*. Collins.
- Montero G., Calama R., Ruiz-Peinado R. (2008). *Silvicultura de Pinus pinea* (Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (España)): 431-470.
- Morić M., Bogdan S., Ivanković M. (2018). Kvantitativna genetska diferencijacija populacija hrasta lužnjaka (*Quercus robur* L.) u pokusnom nasadu »Jastrebarski lugovi«. *Nova mehanizacija šumarstva*, 39 (1): 35-45.
- Mosca, E., Eckert, A.J., Di Pierro, E.A., Rocchini, D., La Porta, N., Belletti, P. and Neale, D.B. (2012), The geographical and environmental determinants of genetic diversity for four alpine conifers of the European Alps. *Mol Ecol*, 21: 5530-5545. <https://doi.org/10.1111/mec.12043>.
- Nocentini S. (2006). La rinaturalizzazione dei sistemi forestali: è necessario un modello di riferimento? *Forest@ - Journal of Silviculture and Forest Ecology*, 3: 376-379.
- Nocentini S. (2009). Structure and management of beech (*Fagus sylvatica* L.) forests in Italy. *iForest* 2: 105-113. doi: 10.3832/ifer0499-002.

BIBLIOGRAFIA

- Noormets A., Epron D., Domec J.C., McNulty S.G., Fox T., Sun G., Kinget J.S. (2015). Effects of forest management on productivity and carbon sequestration: A review and hypothesis. *Forest Ecology and Management*, 355: 124-140.
- Oggioni S.D., Rossi L.M.W., Avanzi C., Marchetti M., Piotti A., Vacchiano G. (2024). Drought responses of Italian silver fir provenances in a climate change perspective. *Dendrochronologia*, 85. <https://doi.org/10.1016/j.dendro.2024.126184>.
- Paffetti, D., Travaglini, D., Buonamici, A., Nocentini, S., Vendramin, G., Giannini, R., Vettori, C. (2012), The influence of forest management on beech (*Fagus sylvatica* L.) stand structure and genetic diversity, *Forest Ecology and Management*, Volume 284, Pages 34-44, ISSN 0378-1127. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2012.07.026>.
- Pap P., Ranković B. and Maćirević S. (2012). Significance and need of powdery mildew control (*Microspora alphitoides* Griff. et Maubl.) in the process of regeneration of the pedunculate oak (*Quercus robur* L.) stands in the Ravni Srem area. *Periodicum Biologorum*, 114: 1, 91-102
- Pardos M., Calama R., Maroschek M., Rammer W., Lexer M.J. (2015). A model based analysis of climate change vulnerability of *Pinus pinea* stands under multiobjective management in the Northern Plateau of Spain. *Annals of Forest Science*, 72: 1009-1021. <https://doi.org/10.1007/s13595-015-0520-7>.
- Pasta S., De Rigo D., Caudullo G. (2016). *Quercus pubescens* in Europe: distribution, habitat, usage and threats. *European Atlas of forest tree species*: 156-157.
- Pereira J.S. (2002). *Pines of Silvicultural Importance*, CABI, ed. CABI, Wallingford, UK: 316-328.
- Pinzauti, F., Vendramin, G.G., Buonamici, A., Maggini, F., Sebastiani, F., & Vettori, C. (2012), Low genetic diversity but high phenotypic plasticity in *Pinus pinea* L. (Stone pine). *Plant Biology*, 14(6), 944-955.
- Piotti A., Leonarduzzi C., Postolache D., Bagnoli F., Spanu I., Brousseau L., Urbinati C., Leonardi S., Vendramin G.G. (2017). Unexpected scenarios from Mediterranean refugial areas: disentangling complex demographic dynamics along the Apennine distribution of silver fir. *Journal of Biogeography*, 44: 1547-1558.
- Pique-Nicolau M., del-Rio M., Calama R., Montero G. (2011). Modelling silviculture alternatives for managing *Pinus pinea* L. forest in North-East Spain. *Forest Systems*, 20: 3-20.
- Piraino S. (2020). Assessing *Pinus pinea* L. resilience to three consecutive droughts in central-western Italian Peninsula. *iForest* 13: 246-250. doi: 10.3832/for3320-013.
- Pluess, A.R., Frank, A., Heiri, C., Lalagüe, H., Vendramin, G.G., Oddou-Muratorio, S. (2016), Genome-environment association study suggests local adaptation to climate at the regional scale in *Fagus sylvatica*. *New Phytol.* 210, 589-601. doi.org/10.1111/nph.13809.
- Portoghesi L., Tomao A., Bollati S., Mattioli W., Angelini A., Agrimi M. (2022). Planning coastal Mediterranean stone pine (*Pinus pinea* L.) reforestations as a green infrastructure: combining GIS techniques and statistical analysis to identify management options. *Annals of Forest Research*, 65: 31-46. <https://doi.org/10.15287/afr.2022.2176>.
- Praciak A., Pasięcznik N., Sheil D., Van Heist M., Sassen M., Correia C.S., Teeling C. (2013). *The CABI encyclopedia of forest trees* (CABI, Oxfordshire, UK). ISBN: 978178064236.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. (2000), Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. Jun;155(2):945-59. doi: 10.1093/genetics/155.2.945. PMID: 10835412; PMCID: PMC1461096.
- Prpic B. (ed.) (2001). *Silver fir in Croatia*. Hrvatske šume p.o, Zagreb: Akademija šumarskih znanosti. Zagreb, Croatia, 895 p.

BIBLIOGRAFIA

- Quézel P., Médail F. (2003). *Ecologie et biogéographie des forêts du bassin Méditerranéen* [Ecology and biogeography of forests in the Mediterranean basin]. Elsevier Masson, Paris, France, pp. 573.
- Regent B. (1980). *Šumsko sjemenarstvo*. Jugoslovenski poljoprivredno-šumarski centar, Beograd.
- Rellstab, C., Gugerli, F., Eckert, A.J., Hancock, A.M. and Holderegger, R. (2015). A practical guide to environmental association analysis in *landscape genomics*. *Mol Ecol*, 24: 4348-4370. <https://doi.org/10.1111/mec.13322>.
- Schirone B., Vessella F., Varela M.C. (2019). EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use for Holm oak (*Quercus ilex*). *European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN)*, European Forest Institute, 6 p.
- Schulze E.D., Bouriaud O., Wäldchen J., Eisenhauer N., Walentowski H., Seele C., Heinze E., Pruschitzki U., Danila G., Marin G., Hessenmöller D., Bouriaud L., Teodosiu M. (2014). Ungulate browsing causes species loss in deciduous forests independent of community dynamics and silvicultural management in Central and Southeastern Europe. *Annals of Forest Research* 57(2): 267-288. doi: 10.15287/afr.2014.273.
- Schwarz O. (1993). *Flora Europaea: Psilotaceae to Platanaceae (Vol. 1)*. In: Tutin T. G. et al. (eds.), Cambridge University Press, second edn: 72-76.
- Scotti-Saintagne, C., Boivin, T., Suez, M., Musch, B., Scotti, I., & Fady, B. (2021), Signature of mid-Pleistocene lineages in the European silver fir (*Abies alba* Mill.) at its geographic distribution margin. *Ecology and Evolution*, 11, 10984-10999. <https://doi.org/10.1002/ece3.7886>.
- Sever K., Fidej G., Breznikar A., Roženberger D., Rantaša B. (2022). *Sodobna nega gozda - zgibanka*. Zavod za gozdove Slovenije, Ljubljana, Slovenija, 2 p.
- Sillanpaa, M.J. (2011), On statistical methods for estimating heritability in wild populations. *Molecular Ecology*, 20: 1324-1332. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05021.x>.
- Stiers, M., Willim, K., Seidel, D., Ehbrecht, M., Kabal, M., Ammer, C., Annighöfer, P. (2018), A quantitative comparison of the structural complexity of managed, lately unmanaged and primary European beech (*Fagus sylvatica* L.) forests, *Forest Ecology and Management*, Volume 430, Pages 357-365, ISSN 0378-1127. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2018.08.039>.
- Teodosiu M., Mihai G., Fussi B., Ciocîrlan E. (2019). Genetic diversity and structure of Silver fir (*Abies alba* Mill.) at the southeastern limit of its distribution range. *Ann. For. Res.*, 62: 139-156.
- Thomas F. M., Blank R. and Hartmann G. (2002). Abiotic and biotic factors and their interactions as causes of oak decline in central Europe. *Forest Pathology*, 32, 277-307. doi:10.1046/j.1439-0329.2002.00291.x.
- Tinner, W., Colombaroli, D., Heiri, O., Henne, P.D., Steinacher, M., Untenecker, J., Vescovi, E., Allen, J.R.M., Carraro, G., Conedera, M., Joos, F., Lotter, A.F., Luterbacher, J., Samartin, S. and Valsecchi, V. (2013), The past ecology of *Abies alba* provides new perspectives on future responses of silver fir forests to global warming. *Ecological Monographs*, 83: 419-439. <https://doi.org/10.1890/12-2231.1>.
- Travaglini D., Garosi C., Logli F., Parisi F., Ursumando I., Vettori C., Paffetti D. (2022). Stand structure and natural regeneration in a coastal Stone pine (*Pinus pinea* L.) forest in Central Italy, pp. 775-784 © 2022 Author(s), CC BY-NC-SA 4.0, doi: <https://doi.org/10.36253/979-12-215-0030-1.74>.
- Tremblay J.P., Hout J., Potvin F. (2007). Density-related effects of deer browsing on the regeneration dynamics of boreal forests. *Journal of Applied Ecology* 44: 552-562. doi: 10.1111/j.1365-2664.2007.01290.x.

BIBLIOGRAFIA

- Turczanski K., Bełka M., Spychalski M., Kukawka R., Prasad R. and Smiglak M. (2023). Resistance Inducers for the Protection of Pedunculate Oak (*Quercus robur* L.) Seedlings against Powdery Mildew *Erysiphe alphitoides*. *Plants* 2023, 12, 635.
- Tutin T.G., Burges N.A., Chater A.O., Edmondson J.R. Heywood V.H., Moore D.M., Valentine D.H., Walters S.M., Webb D.A. (eds.) (1993). *Flora Europaea*, ed. 2, 1. Cambridge.
- Twieg B.D., Durall D.M., Simard S.W. (2007). Ectomycorrhizal fungal succession in mixed temperate forests. *New Phytologist*, 176: 437-447.
- Unuk Nahberger T. (2020). Ectomycorrhizal symbionts of silver fir (*Abies alba* Mill.): doctoral dissertation. Biotehniška fakulteta, Ljubljana.
- USDA (2008). *The Woody Plant Seed Manual*. United States Department of Agriculture, Forest Service, Agriculture Handbook 727. Washington D. C., USA.
- Veselič, Ž. (ed) (2008). *Forest management by mimicking nature: close-to-nature forest management in Slovenia: how to conserve forests by using them*. Ljubljana: Slovenia Forest Service, 2008, 27 p.
- Viñas R.A., Caudullo G., Oliveira S., De Rigo D. (2016). *Pinus pinea* in Europe: distribution, habitat, usage and threats. In: San-Miguel-Ayanz, J., de Rigo, D., Caudullo, G., Houston Durrant, T., Mauri, A. (Eds.), *European Atlas of Forest Tree Species*. Publ. Off. EU, Luxembourg, pp. e012d59.
- Vitali V, Büntgen U, Bausch J. (2017), Silver fir and Douglas fir are more tolerant to extreme droughts than Norway spruce in south-western Germany. *Glob Change Biol.* 2017; 23: 5108-5119. <https://doi.org/10.1111/gcb.13774>.
- Vitasse, Y., Bottero, A., Rebetez, M., Conedera, M., Augustin, S., Brang, P., Tinner, W. (2019), What is the potential of silver fir to thrive under warmer and drier climate? *Eur. J. Forest Res.* 138 (4), 547-560.
- Wahid N., González-Martínez S.C., El Hadrami I., Boulli A. (2006). Variation of morphological traits in natural populations of maritime pine (*Pinus pinaster* Ait.) in Morocco. *Annals of forest science*, 63(1): 83-92.
- Westergren M., Božič G., Ferreira A., Kraigher H. (2015). Insignificant effect of management using irregular shelterwood system on the genetic diversity of European beech (*Fagus sylvatica* L.): a case study of managed stand and old growth forest in Slovenia. *Forest Ecology and Management*, 335: 51-59. <http://dx.doi.org/10.1016/j.foreco.2014.09.026>.
- Westergren *et al.* (2020) Guidelines for genetic monitoring of European beech (*Fagus sylvatica* L.). In: Bajc *et al.* (eds) *Manual for Forest Genetic Monitoring*. Slovenian Forestry Institute: Silva Slovenica Publishing Centre, Ljubljana.
- Willis K.J., Bennett K.D., Birks H.J.B. (1998). The late Quaternary dynamics of pines in Europe. In *Ecology and Biogeography of Pinus*; Richardson, D.M., Ed.; Cambridge University Press: Cambridge, UK: 107-121.
- Wolf H., Westergren M., Poljanec A., Kraigher H. (2010). Tehnične smernice za ohranjanje in rabo genskih virov: bela jelka: *Abies alba*. *Gozd vestn.*, 68(10): p. 485-490.
- Wuehlisch G. (2008). *EUFORGEN Technical Guidelines for genetic conservation and use for European beech (Fagus sylvatica)*. Bioersity International, Rome, Italy, 6 p.
- ZGS (2021). *Usmeritve za gospodarjenje z gozdovi po skupinah gozdnih rastiščnih tipov*. Internal publication. Slovenia Forest Service, Ljubljana, Slovenija, 236 p.